

**BENN RICHARD ALLE**

**RELAÇÕES ENTRE FATORES ECOLÓGICOS E VARIABILIDADE GENÉTICA  
ATRAVÉS DE SIMULAÇÃO COMPUTACIONAL**

**CURITIBA**

**2007**

**BENN RICHARD ALLE**

**RELAÇÕES ENTRE FATORES ECOLÓGICOS E VARIABILIDADE GENÉTICA  
ATRAVÉS DE SIMULAÇÃO COMPUTACIONAL**

**Dissertação de Mestrado apresentada ao  
curso de Pós Graduação em Genética da  
Universidade Federal do Paraná  
Orientador: Prof. Dr. João Carlos  
Marques Magalhães.  
Co-orientador: Dr. Cedric Gondro.**

**CURITIBA**

**2007**

*Dedico este trabalho a toda variabilidade que possa ser preservada.*

## AGRADECIMENTOS

*CNPq, pelo financiamento do trabalho.*

*Grande JC, por ter acreditado no meu potencial como pesquisador.*

*Roger Wolf Pedroso, por ter acreditado no meu potencial como programador.*

*Fujiro pelo companheirismo nas muitas e longas simulações.*

*Tavares por ter me levado por tantos caminhos.*

*Filho e Filho', me inspirando e respondendo minhas perguntas sobre jogos,  
sempre ao meu lado jogando um DotA.*

*Lupe, parte de mim, que me incentivou, ensinou, participou, acompanhou e me  
mostrou entre muitas outras coisas que fazer ciência é procurar padrões.*

*Aos russos que crackearam os cartuchos das impressoras, viabilizando a  
impressão deste trabalho.*

*Carla Cottini da GeoAmbiente, por ter cedido as imagens de satélite.*

*Google, por sua enorme fonte de dados.*

## ÍNDICE

LISTA DE FIGURAS .....	I
LISTA DE TABELAS.....	VI
RESUMO .....	VIII
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	2
2.1 SIMULAÇÕES E MODELOS BIOLÓGICOS.....	2
2.1.1 Simulação com Fins Educacionais .....	4
2.1.1.1 POPULUS .....	4
2.1.1.2 SIGEX.....	4
2.1.2 ECO-GENE.....	5
2.1.3 DENDROGENE .....	5
2.1.4 Simulação para Gerenciamento .....	6
2.1.5 Simulação de Competição .....	7
2.1.6 Echo Models (HRABER, 1997) .....	7
2.1.7 CBBM (Computer Based Biological Model).....	8
2.2 VIDA ARTIFICIAL .....	9
2.3 ALGORITMOS GENÉTICOS .....	10
3. OBJETIVOS .....	12
3.1 OBJETIVO GERAL .....	12
3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	12
3.2.1 Primeiro Objetivo Específico .....	12
3.2.2 Segundo Objetivo Específico .....	12
3.2.1 Terceiro Objetivo Específico .....	12
4. MATERIAIS E MÉTODOS.....	13
4.1 BASES PARA MONTAGEM DO MODELO .....	13
4.1.1 Organismos Base para a montagem do modelo.....	13

4.1.2 Parâmetros Base para a montagem do modelo .....	13
4.2 METODOLOGIA DE PROGRAMAÇÃO DO KURI.....	14
4.3 AMBIENTE DE DESENVOLVIMENTO DO KURI .....	14
4.4 OPERADORES GENÉTICOS DO KURI (KGOP) .....	16
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	18
5.1. APLICAÇÕES DO KURI .....	18
5.1.1 Aplicações didáticas .....	18
5.1.2 Aplicações em estudos de dinâmica populacional e no manejo de espécies vegetais perenes .....	19
5.2. INTERFACE GRÁFICA .....	19
5.2.1 Montagem da Interface Gráfica da Simulação .....	19
5.2.2 Organização das Telas do KURI.....	27
5.2.3 Telas para cadastro de espécies.....	28
5.2.4 Telas para configuração e execução manual dos operadores genéticos do KURI (KGOP) .....	29
5.3 DISPERSÃO DE PÓLEN E DE SEMENTES .....	36
5.4 FUNCIONAMENTO DOS PARÂMETROS GRÁFICOS .....	38
5.5 EXEMPLOS DE SIMULAÇÕES: MONTAGEM, EXECUÇÃO E CONSIDERAÇÕES.....	40
6. CONCLUSÕES .....	71
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	72

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 5.1.</b> Interface gráfica do KURI. Representação esquemática do resultado, mostrando a localização dos “organismos” durante uma simulação sobre uma imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR.....	20
<b>Figura 5.2.</b> Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do parâmetro 1 (áreas impossíveis – <i>impossible areas</i> ) baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR. ....	21
<b>Figura 5.3.</b> Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do parâmetro 2 (intervenção humana – <i>human intervention</i> ) baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR.....	22
<b>Figura 5.4.</b> Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do parâmetro 3 (profundidade do solo – <i>soil depth</i> ) baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR. ....	23
<b>Figura 5.5.</b> Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do parâmetro 4 (qualidade do solo – <i>soil quality</i> ) baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR. ....	24
<b>Figura 5.6.</b> Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do parâmetro 5 (hidrologia – <i>hydrology</i> ) baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR.....	25
<b>Figura 5.7.</b> Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do Mapa de probabilidades baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR. ....	26
<b>Figura 5.8.</b> Esquema ilustrativo das cores do mapa de probabilidades, representando probabilidades de 0% a 100%. ....	26
<b>Figura 5.9.</b> Tela <i>KURI Menu</i> , contendo chamadas para as demais telas do KURI. ....	27

<b>Figura 5.10.</b> Tela para cadastramento de espécies do KURI mostrando a espécie <i>Eucalyptus grandis</i> , incluindo imagem relativa à idade do espécime; raio de ocupação de espaço; raio de dispersão de semente e de pólen; idade máxima e idade reprodutiva.....	29
<b>Figura 5.11.</b> Tela Menu do KGOP para selecionar cruzamentos entre indivíduos e configurações de recombinação, mutação e autofecundação. ....	30
<b>Figura 5.12.</b> Aba <i>Server</i> da tela <i>Database Manager</i> do KURI. ....	31
<b>Figura 5.13.</b> Aba <i>Species</i> da tela <i>Database Manager</i> do KURI. ....	32
<b>Figura 5.14.</b> Aba <i>BioCom</i> da tela <i>Database Manager</i> do KURI. ....	33
<b>Figura 5.15.</b> Aba <i>Simulation</i> da tela <i>Database Manager</i> do KURI. ....	34
<b>Figura 5.16.</b> Tela <i>Specimen's List Viewer</i> do KURI. ....	35
<b>Figura 5.17.</b> Tela <i>Wind Direction</i> para configuração das probabilidades de direção do vento. ....	36
<b>Figura 5.18.</b> Resultado de 10.000 dispersões a partir da mesma origem (círculo vermelho). Em verde limão a grade de dispersão. A tela <i>Dispersion Config</i> é mostrada a esquerda da figura. ....	37
<b>Figura 5.19.</b> Resultado de 1.000.000 de dispersões a partir da mesma origem (centro da figura). Em verde a grade de dispersão. À direita a legenda de cores correspondentes à quantidade de itens presentes em cada célula. ....	38
<b>Figura 5.20.</b> Comparação entre um conjunto de médias paramétricas representadas em uma tabela numérica e em um esquema de cores. Em “A” um esquema representando os números necessários para informar os dados relativos a uma área de 50x50 pixels. Em “B” está representada como imagem paramétrica a mesma área de 50x50 pixels que está ampliada em “C” para melhor visualização. ....	39



- Figura 5.21.** Esquerda: tela *Simulation Status*, exibindo a lista de espécies da simulação. Direita: tela *Simulation*, com os comandos para o tipo de simulação que se deseja rodar. ....40
- Figura 5.22.** Saída gráfica do KURI do em “A” é representada a imagem inicial, sem os ícones de árvores simuladas e em “B” o resultado da simulação descrita anteriormente após 20 ciclos.....44
- Figura 5.23.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos no ciclo inicial (0) para os cinco Tipos de Simulação (I, II, III, IV e V). ....46
- Figura 5.24.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição I (RI) do Tipo V de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.....52
- Figura 5.25.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição II (RII) do Tipo V de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.....53
- Figura 5.26.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição III (RIII) do Tipo V de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.....54
- Figura 5.27.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição IV (RIV) do Tipo V de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.....55
- Figura 5.28.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição I (RI) do Tipo V de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.....56

<b>Figura 5.29.</b> Freqüências observadas de heterozigotos nos ciclos 0, 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo V de Simulação. ....	57
<b>Figura 5.30.</b> Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição I (RI) do Tipo I de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo. ....	58
<b>Figura 5.31.</b> Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição I (RI) do Tipo II de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo. ....	59
<b>Figura 5.32.</b> Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 do Tipo III de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo. ....	60
<b>Figura 5.33.</b> Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição I (RI) do Tipo IV de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo. ....	61
<b>Figura 5.34.</b> Freqüências observadas de heterozigotos nos ciclos 0, 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo I de Simulação. ....	64
<b>Figura 5.35.</b> Freqüências observadas de heterozigotos nos ciclos 0, 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo II de Simulação. ....	65
<b>Figura 5.36.</b> Freqüências observadas de heterozigotos nos ciclos 0, 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 no Tipo III de Simulação. ....	65
<b>Figura 5.37.</b> Freqüências observadas de heterozigotos nos ciclos 0, 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo IV de Simulação. ....	66

**Figura 5.38.** Imagens dos parâmetros de área impossível (em preto) para área de simulação retangular em “A” e área de simulação circular em “B”. .....67

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 5.1.</b> Dados de configuração das espécies A, B e C, constituintes da comunidade biológica ABC. ....	41
<b>Tabela 5.2.</b> Freqüências alélicas e genotípicas das três populações iniciais e valores de $\chi^2$ para o equilíbrio de Hardy-Weinberg.....	42
<b>Tabela 5.3.</b> Freqüências alélicas e genotípicas das três populações e os valores de $\chi^2$ para o equilíbrio de Hardy-Weinberg após um, dois e dez ciclos. ....	42
<b>Tabela 5.4.</b> Freqüências alélicas e genotípicas das três populações e os valores de $\chi^2$ para o equilíbrio de Hardy-Weinberg após 15 e 20 ciclos. ....	43
<b>Tabela 5.5.</b> Condições de vento, raio de ocupação e freqüências alélicas e genotípicas iniciais de cinco tipos de Simulações.....	46
<b>Tabela 5.6.</b> Tamanho da população (N), freqüências alélicas (p) e genotípicas (pp, pq e qq) e valores de $\chi^2$ (GL = 1) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg para cinco repetições do Tipo I de Simulação. ....	47
<b>Tabela 5.7.</b> Tamanho da população (N), freqüências alélicas (p) e genotípicas (pp, pq e qq) e valores de $\chi^2$ (GL = 1) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg para cinco repetições do Tipo II de Simulação. ....	48
<b>Tabela 5.8.</b> Tamanho da população (N), freqüências alélicas (p) e genotípicas (pp, pq e qq) e valores de $\chi^2$ (GL = 1) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg para o Tipo III de Simulação. ....	49
<b>Tabela 5.9.</b> Tamanho da população (N), freqüências alélicas (p) e genotípicas (pp, pq e qq) e valores de $\chi^2$ (GL = 1) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg para cinco repetições do Tipo IV de Simulação.....	50
<b>Tabela 5.10.</b> Tamanho da população (N), freqüências alélicas (p) e genotípicas (pp, pq e qq) e valores de $\chi^2$ (GL = 1) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg para o Tipo V de Simulação.....	51

<b>Tabela 5.11.</b> Freqüências esperadas e observadas de heterozigotos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo V de Simulação. ....	57
<b>Tabela 5.12.</b> Freqüências esperadas e observadas de heterozigotos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo I de Simulação. ....	62
<b>Tabela 5.13.</b> Freqüências esperadas e observadas de heterozigotos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo II de Simulação. ....	63
<b>Tabela 5.14.</b> Freqüências esperadas e observadas de heterozigotos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 na Repetição RI do Tipo III de Simulação. ....	63
<b>Tabela 5.15.</b> Freqüências esperadas e observadas de heterozigotos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo IV de Simulação. ....	64
<b>Tabela 5.16.</b> Médias, variâncias e coeficientes de variação do tamanho da população no ciclo 25 das Simulações dos Tipos I, II, IV e V, considerando cinco repetições para cada simulação. ....	68
<b>Tabela 5.17.</b> Comparações de médias ( $t$ ; $p$ ) e variâncias ( $F$ ; $p$ ) do tamanho das populações no ciclo 25 entre os diferentes Tipos de Simulação. ....	69

## RESUMO

Simulações computacionais possibilitam a criação e a análise de situações em que a interação de um dado conjunto de variáveis conduz a resultados que dificilmente seriam obtidos por métodos analíticos. O controle preciso e a leitura dessas variáveis, que são questões difíceis em experimentos biológicos, não apenas são possíveis em simulações computacionais como são passíveis de inúmeras reproduções. O presente trabalho desenvolveu e testou um simulador computacional (KURI) voltado para o ensino de genética de populações, especialmente para ilustrar os efeitos de alterações ecológicas sobre a composição genética de populações de espécies vegetais perenes. O KURI, que também pode ser utilizado como ferramenta auxiliar em estudos de dinâmica populacional e no manejo de espécies vegetais perenes, simula os fenômenos de dispersão de pólen e de dispersão e germinação de sementes e possibilita a verificação de seus efeitos sobre a composição genética das populações. Alelos e genótipos de diferentes espécies que interagem em uma comunidade biológica podem ser manipulados e o usuário pode alterar parâmetros genéticos e outros parâmetros biológicos dessas espécies, alimentando o banco de dados com dados reais ou com modelos didáticos. O usuário também pode alterar parâmetros da paisagem e verificar seus efeitos na composição genética e no tamanho das populações ao longo de uma simulação. Embora ainda seja necessário desenvolver uma metodologia adequada para este tipo de aplicação, o KURI pode ser alimentado com dados reais de modo a simular situações futuras a partir de um cenário atual, auxiliando na definição de práticas adequadas de conservação e manejo de espécies. O KURI foi construído de modo a poder funcionar por uma rede de computadores (processamento distribuído), possibilitando sua implementação em computadores sem grande poder de processamento. Os testes realizados no presente estudo, principalmente os relativos aos processos de dispersão, produziram resultados de acordo com o esperado pela teoria, porém serão necessários mais testes, inclusive utilizando dados reais, para a validação do simulador.

## 1. INTRODUÇÃO

Simulações computacionais permitem a realização de cálculos complexos para predição de eventos que derivam da interação de conjuntos de variáveis cujas soluções analíticas podem ser difíceis ou inviáveis. As simulações não apenas otimizam o controle e a leitura das variáveis, que podem ser difíceis em experimentos biológicos reais, como são passíveis de inúmeras reproduções.

Através de um modelo biológico com parâmetros estritamente controlados é possível estudar os componentes que atuam sobre uma população, investigando como estes componentes atuam isoladamente ou em conjunto sobre os organismos e promovendo uma visão integrada dos fenômenos populacionais.

Neste trabalho parte-se da premissa, já utilizada em trabalhos anteriores (KANASHIRO et al, 2002; PACALA et al, 1993; GONDRO, 2001), de que é possível desenvolver e implementar um modelo biológico computacional que reflita o comportamento de populações naturais. Desse modo podem ser utilizados princípios de genética de populações para desenvolver e testar uma ferramenta computacional que possibilite associar os efeitos de alterações ecológicas e da composição genética de populações de espécies vegetais perenes.

Na mesma linha de pesquisa já foi desenvolvido um projeto computacional denominado SIGEX que implementou um modelo simples de CBBM (*Computer Based Biological Model*), para estudos de genética de populações (GONDRO, 2001).

O simulador desenvolvido no presente trabalho (KURI) não se atém a uma espécie ou população vegetal determinada, e tem finalidades ilustrativas e educacionais, dando continuidade ao projeto SIGEX. A simulação foi implementada na forma de um programa de computador (Simulador) desenvolvido em Borland® Delphi™, que permite ao usuário interagir, carregando os parâmetros a serem avaliados. Além da finalidade educativa, já presente no SIGEX, o KURI está sendo desenvolvido como uma ferramenta computacional que possa ser utilizada para estudos de dinâmica populacional e para auxiliar o manejo de espécies vegetais.

## **2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

### **2.1 SIMULAÇÕES E MODELOS BIOLÓGICOS**

De modo geral uma simulação permite experimentar situações sem a necessidade de destruir ou alterar permanentemente o seu objeto de estudo. Simuladores são ferramentas úteis para testar hipóteses que de outro modo não seriam facilmente testáveis, por questões éticas, técnicas, temporais ou financeiras. Simulações computacionais fornecem uma poderosa ferramenta, tanto para cálculos como para predição de situações em que a interação de um dado conjunto de variáveis conduz a resultados que dificilmente seriam obtidos por métodos analíticos. O controle preciso e a leitura das variáveis, que são questões difíceis em experimentos biológicos, não apenas são possíveis em simulações computacionais como são passíveis de inúmeras reproduções. Vejamos um exemplo: em genética de populações, em quantas situações é viável genotipar 100% de uma população e durante quantas gerações seria possível fazer esta leitura? São raros os casos em que a população é suficientemente pequena e de ciclo de vida muito curto, de modo a permitir tais análises.

Desde o início do uso de simulações houve uma ampla e recorrente discussão sobre a validade e credibilidade das mesmas. Pesquisadores argumentam, principalmente, que existe uma falta de comunicação entre quem utiliza as simulações e os especialistas no campo das simulações e também à relativa juventude das técnicas estatísticas utilizadas neste tipo de análise (VARENNE, 2001). A perspectiva é otimista, pois também acreditam que estas questões serão resolvidas com o tempo. Mais recentemente, sua credibilidade tem aumentado graças a procedimentos de verificação, validação e certificação, especialmente em modelagem ambiental (VARENNE, 2001).

Para realizar uma simulação é necessário utilizar um modelo, cujo conceito varia conforme o contexto. Um modelo em ciência pode ser definido como uma representação de um sistema por outro mais simplificado, cujo funcionamento é supostamente semelhante ao primeiro, consistindo em uma interpretação simplificada da realidade, ou em um fragmento de um sistema real (BLACKBURN, 1997). Uma vez que existem diferentes tipos de modelos possíveis para cada contexto, e um modelo para cada situação, uma outra questão que surge é o grau de semelhança com a entidade real que o modelo representa. Se tivermos um modelo com tantas variáveis quanto as que existem no mundo real e com a mesma complexidade, pouco poderemos aprender com este modelo, ou a análise deste ficará inviável. Desse modo, o conceito de modelo adotado no



presente trabalho consiste em uma representação simbólica da realidade, com suas variáveis definidas de forma simplificada, clara e sem tendenciosidade (CASTI, 1998).

Os sistemas biológicos são extremamente complexos e, de acordo com LEVIN et. al. (1997), abordagens computacionais imaginativas e eficientes são essenciais para lidar com esta complexidade. Abordagens matemáticas e computacionais fornecem uma ferramenta poderosa para os estudos de populações e de ecossistemas. Essa questão está historicamente relacionada ao desenvolvimento da estatística e da teoria de sistemas dinâmicos e, recentemente, ao incremento do potencial de computação de alta velocidade que tem aberto novos horizontes e apresentado novos desafios. Desafios-chave incluem caminhos para lidar com dinâmicas coletivas de conjuntos de elementos heterogêneos e com a transposição de escalas, isto é, a dimensão e complexidade do modelo em relação ao sistema modelado (BEDAU, 1999). Em se tratando de sistemas organizados em níveis, BEDAU (1999) sugere que a questão central é compreender como detalhes em um nível de organização afetam os demais níveis.

É possível criar um modelo biológico de um ou vários organismos e, agrupando-os em uma ou várias populações, é possível saber o valor das variáveis que estão interagindo com estes organismos ou com as populações, acompanhando tais variáveis ao longo de muitas gerações. Esse tipo de abordagem é bastante útil para testar hipóteses e modelos teóricos em genética e evolução (CASTI, 1998).

Nos programas de computador mais convencionais é utilizada uma abordagem chamada de *Top-Down*, que divide um problema complexo, cujo resultado já é conhecido, em pequenas partes. Nos sistemas naturais e em suas simulações a abordagem pode ser diferente, pois não se sabe qual vai ser o resultado. A abordagem *Bottom-Up*, que será utilizada no presente trabalho, segue o comportamento das populações naturais, pois o resultado final, que é imprevisível, surge da interação entre os diversos módulos do sistema. Nessa abordagem são implementadas regras básicas de um problema e o próprio programa encontra os resultados.

Para montar um modelo biológico é possível começar com apenas um esquema com alguma semelhança ao organismo de estudo. A seguir, o modelo pode ser adequado, ou mesmo identificado, a certa dinâmica do organismo, de modo que tal dinâmica passe a constituir uma regra para o funcionamento do modelo. Há uma melhora significativa do modelo ao se obter uma equivalência entre as partes do modelo e as características do organismo. As populações virtuais simuladas deverão refletir as mesmas propriedades coletivas de populações mendelianas naturais e este deve ser o seu principal critério de validação (GONDRO e MAGALHÃES, 2005).

Durante as últimas décadas houve considerável progresso na compreensão dos sistemas genéticos, especialmente pelo avanço dos métodos de identificação de variação genética em locos únicos. Essas abordagens reducionistas geraram amplo conhecimento referente a diversos aspectos dos sistemas genéticos, porém o conhecimento de aspectos específicos não implica a compreensão do todo. Para compreender as interações complexas e os mecanismos de retroalimentação dos vários componentes do processo e para poder prever as possíveis reações do sistema às influências antropogênicas e naturais, é necessária uma abordagem que integre os componentes do sistema genético em questão (DEGEN et al., 1996).

### **2.1.1 Simulação com Fins Educacionais**

#### **2.1.1.1 POPULUS**

Simulações, como um enfoque mais direcionado para o ensino de genética de populações, podem ser geradas no POPULUS que é um programa de computador de grande valia didática e amplamente adotado. Criado por ALSTAD (2001), em sua versão mais atualizada (5.03) foi escrito na linguagem de programação JAVA®. Lançada em setembro de 2003, essa versão do POPULUS contém um conjunto de simulações voltadas para o ensino de Genética de Populações e Ecologia Evolutiva. Os modelos de simulação são escolhidos a partir dos menus e os estudantes podem alterar as caixas de entrada dos parâmetros, mudando os valores padrão do sistema para valores de seu interesse. A maioria dos módulos oferece diversas saídas gráficas do modelo de dinâmica populacional e todos fornecem telas da ajuda que explicam os algoritmos computacionais. Esse programa de computador é bastante completo dentro desta linha didática, principalmente para demonstrar efeitos de deriva genética, permitindo a determinação da frequência genotípica, mas não do genótipo de cada indivíduo (ALSTAD, 2001).

#### **2.1.1.2 SIGEX**

No Departamento de Genética da UFPR (Universidade Federal do Paraná) foi desenvolvido um modelo biológico para o estudo de genética de populações, implementado na forma de um programa de computador denominado SIGEX, com o objetivo de gerar e analisar dados de genética de populações (GONDRO, 2001). Além de sua utilidade didática, foi utilizado por TAKATUZI (2004) em um estudo comparativo entre metodologias para estimar população efetiva. O SIGEX não procura simular uma espécie em particular, mas sim uma espécie genérica (hipotética), na qual funcionam os

mecanismos genéticos mais básicos de organismos diplóides, sem autofecundação e com sexo definido pelo padrão cromossômico XX e XY, com movimentação pelo ambiente virtual, um modelo mais próximo de um animal do que de um vegetal.

### **2.1.2 ECO-GENE**

O ECO-GENE (DEGEN et al., 1996) foi desenvolvido para analisar os impactos antrópicos ao sistema genético de espécies arbóreas florestais para ambientes de Florestas Temperadas. A dinâmica de estruturas genéticas pode ser simulada em espaço e tempo a partir de dados iniciais da estrutura genética da população e parâmetros relacionados aos processos genéticos chave e de crescimento florestal. O sistema pode ser implementado com sobreposição de gerações e diferentes sistemas de cruzamento e o modelo podem ser executados com dados empíricos ou fictícios.

Segundo DEGEN e WATSON (2004) os parâmetros que são levados em conta para a simulação são os seguintes:

1. Crescimento;
2. Densidade / Mortalidade;
3. Dispersão de sementes;
4. Escala de Tempo;
5. Fenologia ao nível individual e populacional;
6. Fertilidade e Sementes;
7. Genótipos e fertilidade;
8. Genótipos e seleção;
9. Manejo Florestal (registro, coleção de sementes e regeneração);
10. Polinização (Anemófila, zoófila ou Aleatória);
11. Recombinação.

### **2.1.3 DENDROGENE**

O projeto DENDROGENE - Conservação Genética em Florestas Manejadas na Amazônia - adaptou o ECO-GENE para a floresta tropical.

Fazem parte do projeto as seguintes funções: gerar dados para o desenvolvimento e validação do modelo para as espécies selecionadas; desenvolver mecanismos para aplicar o modelo às espécies com poucos dados e incorporar esses resultados no programa de computador para planejamento da exploração florestal. (KANASHIRO, 2002).

PIVETTA (2005) informa que simulações feitas pelo ECO-GENE adaptado serviram para indicar que a extração comercial de certas árvores nobres da Amazônia pode não ser uma atividade sustentável a longo prazo, nem mesmo com a adoção das técnicas hoje recomendadas pelo manejo florestal, um conjunto de medidas que, em tese, deveria reduzir a níveis aceitáveis os efeitos da atividade madeireira sobre a floresta.

Em uma das simulações de populações de duas espécies arbóreas, a tatajuba (*Bagassa guianensis*) e a maçaranduba (*Manilkara huberi*) foram submetidas a um único ciclo de corte, efetuado de acordo com os preceitos considerados racionais pela atual teoria da sustentabilidade. O cálculo do tempo que seria necessário para que as árvores remanescentes de cada espécie crescessem, multiplicassem e a mata voltasse a ter a sua quantidade original de tatajubas e maçarandubas mostrou que um século de descanso não seria suficiente para que a floresta voltasse a apresentar a mesma abundância das duas espécies que havia no início da simulação. Para a *Bagassa guianensis*, a simulação mostrou que a floresta precisa de 200 anos para recuperar 80% de sua quantidade original de madeira. Mais abundante, a *Manilkara huberi* necessitou de 130 anos para exibir de novo a quantidade original de madeira (PIVETTA, 2005).

#### 2.1.4 Simulação para Gerenciamento

Programas de computador como o SisPinus e SisEucalipto, desenvolvidos pela EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária), são simuladores de manejo utilizados desde 2001 no gerenciamento de reflorestamentos de pinus (*Pinus spp*) e eucalipto (*Eucalyptus spp*), respectivamente. Esses simuladores ajudaram a incrementar a produtividade florestal brasileira, com enfoque na produção futura e na rentabilidade econômica. O SisPinus, mais antigo, em 2004 já era utilizado por cerca de 150 empresas e instituições da Argentina, Chile, Paraguai, Cuba e Estados Unidos. No Brasil, o sistema vem sendo aplicado em mais de 75% da área plantada com pinus. O retorno para o país é estimado em mais de R\$ 46 milhões por ano.

O SisEucalipto permite simular e calcular quando, quanto e como desbastar cada floresta de eucalipto, e definir qual a idade ideal para o corte final. O manejo adequado do reflorestamento permite o ganho de produtividade. Com o uso desse programa de computador também é possível elaborar planos de manejo para a produção sustentável, um dos requisitos básicos para a certificação florestal (OLIVEIRA, 2002).

### 2.1.5 Simulação de Competição

Uma base de dados com o cadastro de modelos matemáticos em ecologia é disponibilizada no sítio <<http://eco.wiz.uni-kassel.de/ecobas.html>> onde é possível encontrar entre outros o SORTIE que é um modelo mecanicista e estocástico desenhado para uma floresta no nordeste dos Estados Unidos da América. Esse simulador descreve a competição local entre nove espécies de árvores dominantes ou subdominantes encontradas na área e é alimentado com os dados reais coletados. MÉNARD et al. (2002) utilizaram este tipo de simulação para avaliar o potencial do SORTIE em simulações de sucessão florestal, concluindo que esse *software* apresenta um bom potencial para esse tipo de análise. O SORTIE é considerado um modelo simples com duas subunidades: a primeira delas inclui parte das rotinas que medem a disponibilidade de recursos críticos e luz; a segunda subunidade é composta por parâmetros da história de vida das nove espécies analisadas, incluindo padrão de solo, reprodução e mortalidade como funções diretas ou indiretas da luz (PACALA et al. 1993).

### 2.1.6 Echo Models (HRABER, 1997)

*Echo* é um modelo genérico de ecossistema, no qual agentes evolutivos são implementados em um ambiente com recursos limitados. Os parâmetros do *Echo Model* são descritos e o comportamento dos “organismos” é avaliado a partir de duas medidas bem estabelecidas de diversidade ecológica: abundância relativa de espécies e relação espécie-área. Em experimentos de simulação, essas medidas são utilizadas para comparar o comportamento do *Echo* em relação a outros modelos neutros, nos quais a seleção dos genótipos é aleatória. Essas simulações mostram que o componente evolutivo do *Echo* tem uma contribuição significativa no comportamento da simulação. Além disso, o *Echo* exibe uma boa concordância qualitativa com as medidas de abundância de espécies e relação espécie-área de espécies de ocorrência natural.

O *Echo* é constituído por um grupo de “organismos” distribuídos ao longo de uma matriz bidimensional que inclui sua localização, disponibilidade de recursos e vários tipos de interações, tanto entre pares de agentes como entre os agentes e o ambiente. Os “organismos” têm um genoma análogo a um único cromossomo de uma espécie haplóide. Cada “organismo” consiste de um genoma e de uma reserva de recurso. Um “organismo” é replicado quando adquire recurso suficiente, de modo que seu genoma é replicado, utilizando os recursos armazenados para construir um “organismo-filho”.

### **2.1.7 CBBM (Computer Based Biological Model)**

O modelo biológico computacional ou CBBM é uma expressão essencialmente conceitual proposta por GONDRO (2001) que visa emular populações de organismos vivos. O modelo tem por objetivo servir como base para a implementação de simulações computacionais e serve de base para reduzir um sistema natural a uma estrutura hierárquica de níveis com os seus principais elementos e relações, adotando uma técnica de programação própria, inspirada em algoritmos genéticos, através de uma analogia entre cadeias de valores binários e cadeias de DNA. O CBBM é uma alternativa para modelar sistemas biológicos baseados na percepção de realidade do modelador, resultando em simuladores que permitam estudos em genética de populações baseados em dados populacionais gerados pela sua implementação computacional, de modo análogo aos dados experimentais.

O CBBM baseia-se nos seguintes conceitos:

1. Simula a estrutura e funcionamento de populações de entidades biológicas de acordo com os princípios da teoria genética da evolução;
2. Modelagem conceitual, empírica, ou seja, definida empiricamente pelo modelador conforme o seu conhecimento, visão e capacidade de definir os elementos e relações importantes do sistema natural;
3. O modelador deve buscar analogias que retratem ao máximo os processos do sistema natural;
4. Deve ser estruturado em níveis hierárquicos de organização, de modo análogo ao que ocorre em sistemas naturais, de modo que cada nível é um conjunto de elementos, propriedades e relações;
5. Implementação a partir dos níveis de menor ordem, evitando relações artificiais entre os níveis;
6. Preferência por interações emergentes a interações implementadas artificialmente no modelo;
7. Questões práticas devem ser consideradas como a exigência computacional do modelo, possibilitando a implementação através de programação, estrutura de armazenamento e mineração de resultados e viabilidade técnica.

## 2.2 VIDA ARTIFICIAL

Uma tentativa mais ousada de utilizar construções computacionais para explorar e produzir Ciência é a da chamada Vida Artificial (*Alife*) que tem sido definida como o estudo - através da produção artificial - de toda a vida possível (MORENO, 2000). Vem se discutindo a partir deste tipo de inferência uma mudança nas relações tradicionais entre os níveis ontológico, epistemológico e metodológico, levando à reavaliação das sólidas diferenças entre a Ciência e a Filosofia. Mesmo se as fronteiras entre estes dois tipos de conhecimento não desaparecerem completamente, novas maneiras muito dinâmicas e complexas, tecnologicamente mediadas da interação estão sendo desenvolvidas entre eles.

MORENO (2000) sugere que *Alife* é, além de um processo epistemológico ou puramente teórico, uma atividade técnica ou real significado de sistemas *lifelike* (ou os sistemas que mostram o comportamento *lifelike* – semelhante à vida) que se tornam muito complexos (e controversos) como na biologia tradicional, ou ainda mais complexos que ela.

A chamada "emergência" (no comportamento, nas potencialidades, na morfologia) deve ser compreendida como uma forma da criação sem intervenção humana direta, o que LANGTON (1986) descreve como *getting the humans out of the loop*, e assim dotando a máquina real com criatividade ou autonomia nestes casos. E por outro lado, artificial tem o significado peculiar (não exclusivo, mas que prevalece), como no AI (Inteligência Artificial), da "construção" virtual ao contrário das realizações físicas.

BEDAU et al. (2000) citam que, em contraste com a matemática, a vida artificial é completamente nova e essencialmente interdisciplinar. Embora a vida artificial seja dirigida fundamentalmente tanto para as origens da biologia como para seu futuro, a amplitude e a complexidade de seu assunto requerem a cooperação interdisciplinar. Essa área de estudo é amplamente baseada na possibilidade de descobrir o comportamento *lifelike* em ajustes diferentes e de criar formas novas e diferentes de vida e seu alvo principal é desenvolver uma teoria coerente da vida em todas as suas manifestações. Vida artificial tem implicações práticas que não são nem mais nem menos arrebatadoras do que suas implicações científicas. Pode guiar o uso de novas tecnologias para estender a vida, bem como criar novas formas para ela, incluindo drogas, próteses, a Internet, os *Evolvable Hardware* (área que investiga a aplicação de Computação Evolucionária no projeto, otimização ou síntese de sistemas de hardware, "*Evoluir ao invés de projetar*"), e robôs que se proliferam. Tem um vasto potencial tanto para o bem como para o mal, enfatizando a importância de debate público e condutas éticas.

## 2.3 ALGORITMOS GENÉTICOS

Existe um fluxo de conhecimentos entre a informática e a biologia, de modo que conhecimentos de uma área têm sido aplicados na tentativa de solucionar questões relacionadas à outra. Os chamados Algoritmos Genéticos são um bom exemplo deste fluxo de informações.

Os Algoritmos Genéticos (GAs), genericamente chamados de Algoritmos Evolutivos e inicialmente desenvolvidos por HOLLAND (*Adaptation in Natural and Artificial Systems*, 1975; apud COELHO e COELHO, 1999), são sistemas computacionais utilizados na resolução de problemas complexos de otimização que não apresentam uma solução linear e que têm como base de seu funcionamento os mecanismos biológicos. Mais especificamente esses algoritmos mantêm uma “população” de estruturas que evoluem conforme regras de seleção, reprodução, recombinação, mutação e adaptabilidade, trazendo assim conceitos de Darwin e Mendel para os programas de computador.

GAs são utilizados como uma ferramenta auxiliar na automação industrial, viabilizando a identificação e controle de sistemas não-lineares de difícil modelagem matemática (COELHO e COELHO, 1999). São também utilizados na criação interativa de *sítios eletrônicos* (que pode ser visualizado em <<http://www.antsearch.univ-tours.fr/webtrtic/default.asp?FCT=GENS>>; OLIVER et al., 2002) e em programas de busca de dados na Internet (PICAROUGNE et al., 2002). Os AGs podem ser aplicados não só para problemas sem relação com a Biologia, podendo retomar os conceitos biológicos apresentados para a própria biologia, por exemplo, um programa da empresa Natural Selection está sendo usado para encontrar drogas para o tratamento da AIDS (<<http://www.natural-selection.com>>). Uma grande variedade de algoritmos evolutivos foi proposta, sendo os principais: Programação Evolutiva, Estratégias Evolutivas, Sistemas Classificatórios, Programação Genética e Algoritmos Genéticos (HEITKOETTER e BEASLEY, 1998; GONDRO e MAGALHÃES, 2001).

Estas técnicas, além de seu uso nas mais diversas áreas, quando retomadas dentro da Biologia, constituem uma poderosa ferramenta para a construção de modelos biológicos, que podem ser genéricos, teóricos ou específicos. Os modelos genéricos não objetivam simular organismos biológicos e sim os mecanismos ou parte dos processos biológicos gerais. Os modelos teóricos relacionam-se com os dados empíricos, visando esclarece-los, como por exemplo na busca da compreensão dos mecanismos de



movimento em cardumes. Os modelos específicos visam simular um organismo real ou parte deste para o entendimento de características individuais de um organismo ou de um grupo, por exemplo: o comportamento reprodutivo de gafanhotos (ADAMI, 1998; GONDRO, 2006).

### **3. OBJETIVOS**

#### **3.1 OBJETIVO GERAL**

Desenvolver uma ferramenta computacional para simular efeitos de alterações ecológicas sobre a composição genética de populações de espécies vegetais perenes.

#### **3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

##### **3.2.1 Primeiro Objetivo Específico**

Desenvolver o simulador de modo que possa ser utilizado como material didático para o ensino de genética de populações, especialmente para ilustrar os efeitos de alterações ecológicas sobre a composição genética de populações de espécies vegetais perenes.

##### **3.2.2 Segundo Objetivo Específico**

Desenvolver o simulador de modo que possa ser utilizado como ferramenta auxiliar em estudos de dinâmica populacional e no manejo de espécies vegetais perenes.

##### **3.2.1 Terceiro Objetivo Específico**

Simular os fenômenos de dispersão de pólen e de dispersão e germinação de sementes e verificar seus efeitos sobre a composição genética das populações.

## 4. MATERIAIS E MÉTODOS

### 4.1 BASES PARA MONTAGEM DO MODELO

#### 4.1.1 Organismos Base para a montagem do modelo

O KURI (pinheiro em Guarani) é baseado em três espécies vegetais perenes, sendo elas a araucária (*Araucaria angustifolia*), o eucalipto (*Eucalyptus spp*) e o pinus (*Pinus spp*).

A Araucária é uma espécie nativa do Sul do Brasil e está na lista das espécies ameaçadas de extinção. De acordo com o *Third National Report da Convention on Biological Diversity*, uma das prioridades para o Brasil, com relação à proteção e recuperação da diversidade biológica florestal, são as ações de proteção e recuperação da Mata de Araucárias (Ministério do Meio Ambiente, 2005).

O eucalipto e o pinus, espécies alienígenas invasoras, implantadas com o objetivo de abastecer fábricas de papel, celulose e carvão vegetal são muito utilizadas em reflorestamentos. A contaminação biológica por espécies do gênero *Pinus* também é importante no processo de degradação ambiental da Estepe Gramíneo-Lenhosa na região de Ponta Grossa, Palmeira, Balsa Nova e Campo Largo, no leste do estado do Paraná. (ZILLER, 2000).

O KURI não se propõe a levar em conta todos os parâmetros biológicos dessas espécies, mas sim utilizá-las como organismos modelo, abrangendo algumas das suas características comuns e que são importantes para o manejo destas espécies. Desse modo, esse programa de computador pode ser utilizado para outras espécies que apresentem as mesmas características consideradas pelo KURI.

A escolha dessas três espécies vegetais perenes também é importante do ponto de vista didático, por se tratarem de organismos conhecidos e, com exceção da *Araucaria angustifolia*, de ampla distribuição devido a práticas de plantio com fins comerciais (ZILLER, 2000).

#### 4.1.2 Parâmetros Base para a montagem do modelo

O manejo e recuperação de áreas naturais dependem de uma série de fatores que devem ser considerados para o planejamento e desenvolvimento de práticas adequadas. Existem critérios políticos e sociais, como a existência de zoneamento ecológico-econômico da área em questão, e critérios biológicos que influenciam no desenvolvimento e na reprodução das espécies (GALLOWAY e BORGO, 1984).

Os critérios biológicos a serem adotados dependem das características da área em questão, mas de modo geral, os seguintes fatores podem ser considerados: regeneração natural da área; situação natural anterior; composição fitológica; profundidade do solo; pedregosidade; pH; hidrologia; pluviosidade; inclinação do terreno; altitude e parâmetros eólicos (GALLOWAY e BORGO, 1984).

Um simulador que pretenda ser utilizado como ferramenta auxiliar em estudos de dinâmica populacional e manejo de espécies vegetais perenes deve, portanto, utilizar parâmetros informativos, ou seja, que auxiliem no desenvolvimento e implementação de práticas que otimizem a recuperação e manutenção de áreas naturais.

#### **4.2 METODOLOGIA DE PROGRAMAÇÃO DO KURI**

O programa foi construído em blocos, de modo que conjuntos de blocos possam funcionar independentemente e que permita a implementação de novos blocos que agreguem novas funções e aplicações. Além de permitir a implementação de novas funcionalidades com a incorporação de novos blocos, essa metodologia de programação tem por objetivo a distribuição de processamento. Como as simulações computacionais requerem muito processamento de dados, seu uso em computadores pessoais pode se tornar demasiadamente lento. Para contornar essa limitação de *hardware*, o KURI foi construído para permitir a distribuição de processamento, ou seja, os dados referentes a diferentes conjuntos de blocos, podem ser processados em diferentes computadores, utilizando uma rede padrão de computadores. Esses blocos serão descritos posteriormente no item resultados.

#### **4.3 AMBIENTE DE DESENVOLVIMENTO DO KURI**

O ambiente utilizado para o desenvolvimento do KURI é o Borland® Delphi™ 7.0 que é uma ferramenta desenvolvimento completa para Windows®. Este ambiente de desenvolvimento possibilita a utilização de várias linguagens e SDKs (*Software Development Kit*) Windows®, com suporte Delphi, C#, Microsoft® .NET Framework e Win32® a GUI, Web, base de dados (CANTÚ, 1998).

Por ser conhecida como uma ferramenta RAD (*Rapid Application Development*), possibilitará um ganho considerável no tempo de desenvolvimento. Segundo CANTÚ (1998), muitas vezes o ambiente de desenvolvimento é mais importante que a linguagem de programação. Como o Delphi suporta varias linguagens ele é o mais indicado para este projeto e já foi utilizado em projetos científicos como no estudo de modelos e vida artificial de JÚNIOR et al (2002). Outra vantagem em se utilizar este ambiente de desenvolvimento é que o projeto gerado é facilmente convertido para um outro ambiente

de desenvolvimento chamado KYLIX™, que gera aplicativos para o sistema operacional LINUX® que é um sistema original tipo UNIX. O LINUX® foi criado por Linus Torvalds com a ajuda de desenvolvedores ao redor de todo o mundo e desenvolvido como base na GPL (*General Public License*) que é uma licença de programa de computador livre publicada pelo Projeto GNU com a intenção de permitir que o programa possa ser distribuído de maneira livre (STALLMAN, 2001). As licenças do Projeto GNU têm o respaldo legal da constituição Estadunidense, por terem sido publicadas pela *Free Software Foundation*, e são válidas em todos os países que aceitam o acordo internacional de respeito a patentes e direitos autorais. A GPL permite que programas sejam distribuídos e reaproveitados, mantendo, porém, os direitos do autor, e sem permitir que essa informação seja usada de maneira indevida. A licença não permite, por exemplo, que o código seja apoderado por outra pessoa, ou que sejam impostos sobre ele restrições que impeçam que ele seja distribuído da mesma maneira (livre) que foi adquirido. O KURI, assim como o Projeto GNU, disponibilizará o seu código fonte na rede mundial de computadores (*Wide World Web*) para que pessoas interessadas em dar continuidade ao projeto tenham acesso aos códigos fontes.

Como o volume de dados gerado é bastante grande para ficar residente apenas na memória RAM (*Random Access Memory*) do computador e por ela ser volátil (só estar disponível enquanto o computador estiver ligado sendo perdida ao desligar o computador), são gerados arquivos do tipo texto (TXT), para que a simulação possa ser retomada no caso de uma interrupção no processamento; porém arquivos tipo TXT só permitem o acesso a este arquivo para um computador de cada vez. Para contornar estas limitações, o KURI utiliza um banco de dados. O banco de dados utilizado pelo KURI é o MySQL® (<<http://dev.mysql.com>>), concebido pela empresa TcX em 1996. É um banco de dados relacional estável, seguro e inscrito no tipo de licenciamento GNU e possui versões para Windows® e Linux®. A base de dados de MySQL® transformou-se nos últimos anos a Base de Dados *Opensource* mais popular do mundo, por causa de seus desempenho rápido consistente, confiabilidade elevada e facilidade de utilização. É usada em mais de 6 milhões de instalações que variam de aplicações em grandes corporações às aplicações específicas em todos os continentes do mundo (até mesmo na Antártica!), MySQL® funciona em mais de 20 plataformas incluindo Linux®, Windows®, OS/X®, AIX®, Netware®, dando-lhe muita flexibilidade (<<http://www.mysql.com/why-mysql>>).

A interface amigável do KURI segue os padrões de telas comuns aos dos sistemas operacionais Windows®, com telas separadas para que a entrada de dados dos parâmetros necessários para a simulação sejam digitadas pelo usuário e com caixas de

diálogo para seleção de arquivos gráficos a serem carregados. As telas são independentes e acessíveis por uma tela menu.

A saída de dados tem três formas:

- 1 - Na forma de arquivo TXT, contendo os dados alélicos e genotípicos de cada indivíduo por ciclo da simulação. Esse formato permite a conversão para programas de análise como o Arlequin versão 2.0 (SCHNEIDER et al., 2000) que é utilizado, por exemplo, para o cálculo das frequências haplotípicas, dos valores de  $D$  e  $D'$  e testes de  $\chi^2$  para o equilíbrio de Hardy-Weinberg dos haplótipos, GENEPOP <<http://wbiomed.curtin.edu.au/genepop/>> ou Statistica para Windows (Statsoft, Inc., 1996).
- 2 - Na forma de arquivo TXT, já com as frequências relativas e absolutas de alelos e genótipos da população por ciclo da simulação. Esse tipo de saída não fornece os dados individuais, mas o formato dos dados também possibilita a sua conversão para programas de análise como os citados para o item anterior.
- 3 - Saída gráfica para acompanhar a distribuição dos organismos no mapa virtual podendo ser gravado no computador, para posterior visualização, no formato de arquivo BMP (*Bitmap Picture*) por ser um formato amplamente reconhecido por programas de tratamento gráfico e pelos três principais sistemas operacionais existentes (Linux®, Windows® e MacOS®).

#### 4.4 OPERADORES GENÉTICOS DO KURI (KGOP)

O Algoritmo utilizado para representar os operadores genéticos está organizado da seguinte forma:

- I. Inicialização de uma nova semente aleatória;
- II. Verificação da presença dos dados pertinentes à espécie;
- III. Verificação da presença no banco de dados dos dois homólogos para cada cromossomo de cada um dos parentais;
- IV. Verificação da atividade da função de ocorrência de mutação e, caso ativada essa opção, o programa percorre todos os locos dos quatro homólogos, sorteando a ocorrência da mutação baseado na probabilidade cadastrada pelo usuário. Caso o sorteio acuse que deverá ocorrer a mutação em determinado loco, é sorteado um dos alelos entre aqueles cadastrados (todos com a mesma probabilidade e o corrente está presente neste sorteio)

Como a mutação ocorre antes da formação dos gametas, mesmo ocorrendo pode não ser passada para a prole;

- V. Os dados dos locos são carregados na memória RAM, já, caso ocorram, com as mutações nos locos;
- VI. Verificação da atividade da opção de recombinação;
- VII. Caso a recombinação esteja desativada, o sistema sorteia um número “0” ou “1” para selecionar um dos homólogos para a formação do gameta e carrega os dados do selecionado na memória RAM, repetindo a operação para todos os cromossomos;
- VIII. Caso a recombinação esteja ativada, o sistema sorteia um número “0” ou “1” para selecionar um dos homólogos, selecionando assim qual vai ser o alelo para o primeiro loco, em seguida sorteia, dentro da probabilidade de recombinação cadastrada para cada loco, se a recombinação ocorrerá. Caso o sorteio indique a ocorrência de recombinação, o número que representa o homólogo que foi sorteado será alterado de “0” para “1” ou de “1” para 0 e o processo segue por todos os locos que são carregados na memória RAM, repetindo a operação para todos os cromossomos;
- IX. É sorteado o sexo;
- X. É sorteada a posição na área de simulação dentro das probabilidades de distância de dispersão;
- XI. Cadastro dos dados do novo espécime no banco de dados, sendo cada homólogo a cópia dos gametas dos parentais que estavam cadastrados na memória RAM.

## **5. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

O objetivo geral deste trabalho foi desenvolver uma ferramenta computacional para simular efeitos de alterações ecológicas sobre a composição genética de populações de espécies vegetais perenes. Desse modo, o resultado do presente estudo foi o desenvolvimento do KURI e a aplicação de testes para verificar sua conformidade com as bases teóricas da genética de populações.

### **5.1. APLICAÇÕES DO KURI**

O KURI possui duas aplicações básicas: didática e auxiliar em estudos de dinâmica populacional e manejo de espécies vegetais perenes. É importante, entretanto, enfatizar que o KURI é organizado de forma modular, tendo em vista a possibilidade de implementação de novos módulos para ampliar suas funções e aplicações. Desse modo, as funções apresentadas no presente trabalho podem ser ampliadas com a programação e implementação de novos módulos, de modo que o KURI pode desempenhar novas aplicações que supram as necessidades do usuário.

#### **5.1.1 Aplicações didáticas**

O KURI oferece as seguintes aplicações para o ensino de genética de populações: frequências alélicas e genotípicas e sua distribuição; e as mudanças nessas frequências decorrentes deriva genética, mutação e fluxo gênico. Também permite a inserção de recombinação como fonte de variabilidade genética.

Além dessas funções genéticas, o KURI também trabalha com outros parâmetros biológicos de espécies vegetais perenes, tais como raio de dispersão de pólen e de sementes, área de ocupação de cada indivíduo, número máximo de sementes por indivíduo e quantidade de pólen gerada a cada geração. Esses parâmetros biológicos, por sua vez, interagem com características da paisagem escolhida para a simulação, determinadas por cinco parâmetros: áreas de probabilidade nula de nascimento (“áreas impossíveis” – estradas, lagos, edificações); intervenção humana (retirada de espécimes por desmatamento, presença de animais domésticos); profundidade do solo; qualidade do solo e hidrologia. A direção do vento, responsável pela dispersão do pólen e das sementes, também pode ser configurada pelo usuário, refletindo ou não dados reais da área de simulação.

Os estudantes podem montar experimentos virtuais utilizando esses parâmetros e verificar os resultados gerados por diferentes situações iniciais. O KURI também permite a utilização de diferentes mapas como cenários para as simulações. Esses mapas são



passíveis de modificações ao longo da simulação, refletindo, por exemplo modificações no ambiente que acarretam em alterações nas populações simuladas.

### **5.1.2 Aplicações em estudos de dinâmica populacional e no manejo de espécies vegetais perenes**

Como já descrito no item anterior, o KURI utiliza dados genéticos e outros parâmetros biológicos e características da paisagem para gerar ambientes de simulação particulares. Quando se tratam de situações reais com disponibilidade de informações a cerca dos parâmetros utilizados pelo KURI, é possível realizar simulações cujos resultados auxiliem na decisão de práticas de conservação e manejo a serem adotadas para a área em questão.

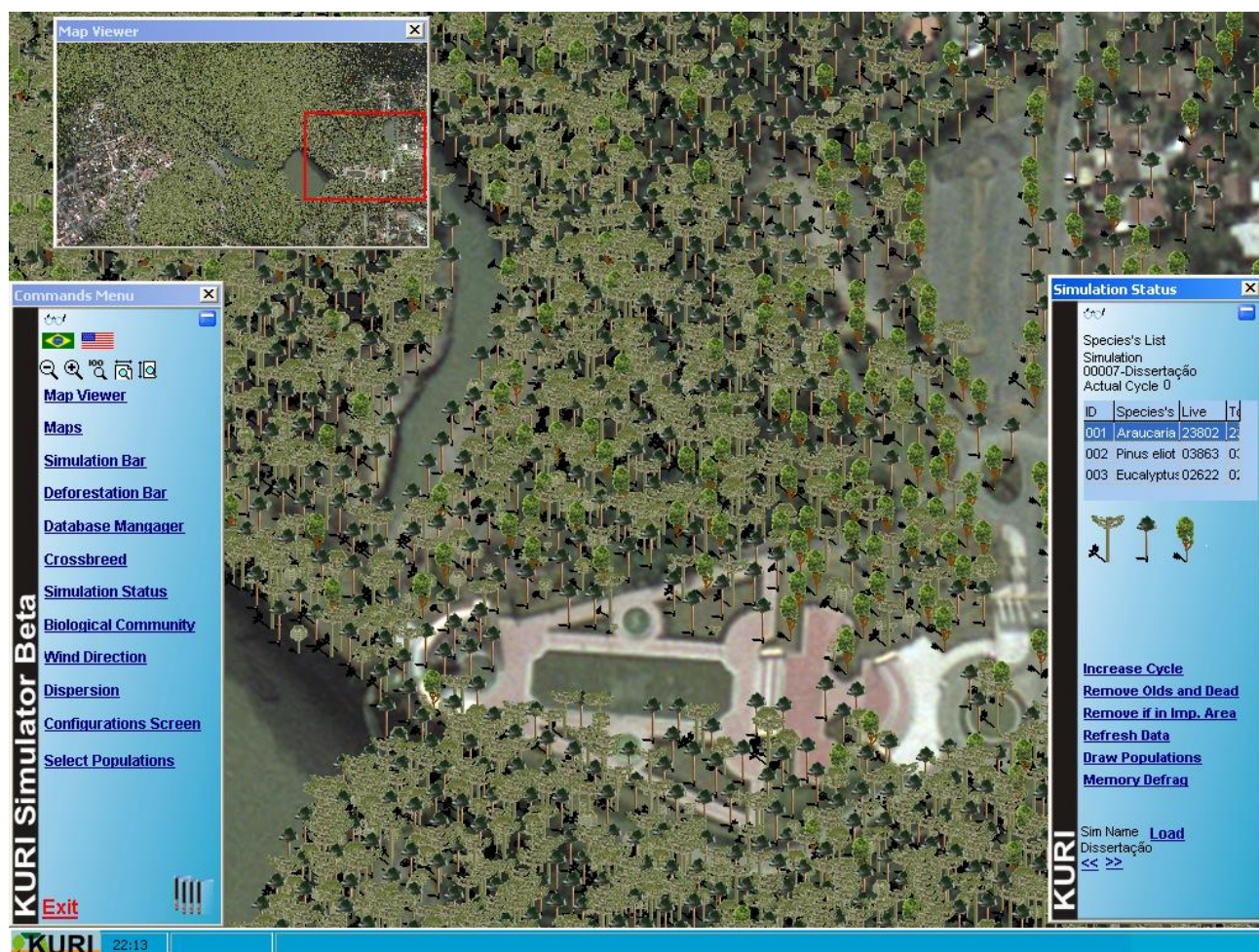
## **5.2. INTERFACE GRÁFICA**

### **5.2.1 Montagem da Interface Gráfica da Simulação**

A primeira etapa do desenvolvimento do KURI foi a montagem da interface gráfica da simulação. Essa interface permite carregar as imagens da área a ser utilizada como base da simulação. Tais imagens incluem uma interface ilustrativa (Figura 5.1), que é uma representação esquemática do resultado e imagens que são parâmetros para a simulação. Os cinco parâmetros contidos na imagem, representam elementos da paisagem: 1) áreas impossíveis; 2) intervenção humana; 3) profundidade do solo; 4) qualidade do solo e 5) hidrologia.

Esses parâmetros são representados por cores que, exceto nas áreas impossíveis que são indicadas pela cor preta (exemplo: áreas construídas, corpos d'água, rochas), podem ser escolhidas pelo usuário. As Figuras 5.2, 5.3, 5.4, 5.5 e 5.6 mostram as representações esquemáticas dos parâmetros 1, 2, 3, 4 e 5, respectivamente. Nas áreas impossíveis a probabilidade de germinação, e conseqüentemente do surgimento de novos indivíduos, é nula. Para os demais parâmetros, as probabilidades de germinação, em valores percentuais, são definidas pelo usuário.

A sobreposição dos cinco parâmetros de cada área gera o mapa de probabilidades mostrado na Figura 5.7. A probabilidade final de germinação de cada região dentro de uma área, é calculada pela multiplicação das probabilidades de cada um dos parâmetros considerados. As cores do mapa de probabilidades, representam probabilidades de 0% a 100%, como mostrado na Figura 5.8.

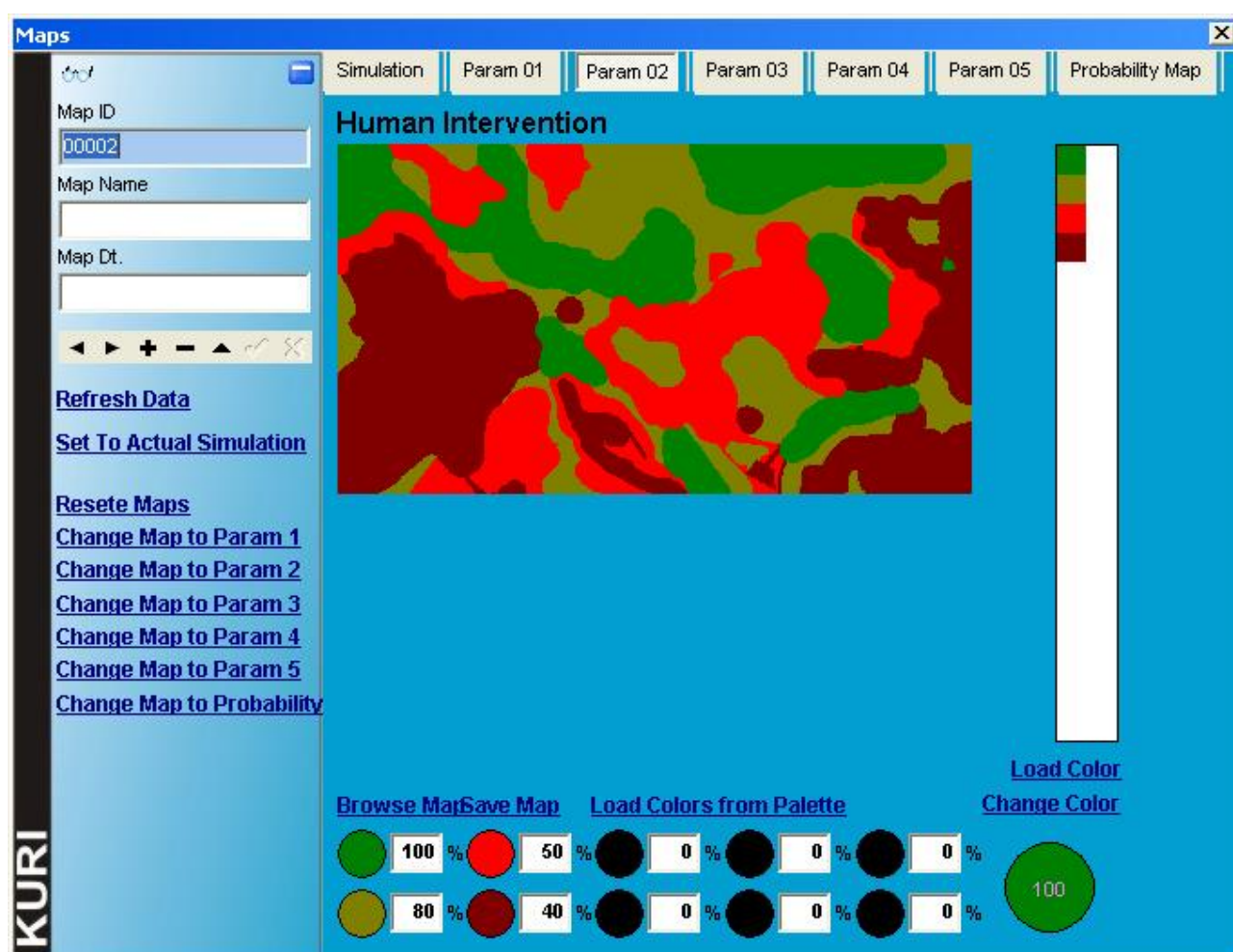


**Figura 5.1.** Interface gráfica do KURI. Representação esquemática do resultado, mostrando a localização dos “organismos” durante uma simulação sobre uma imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR.

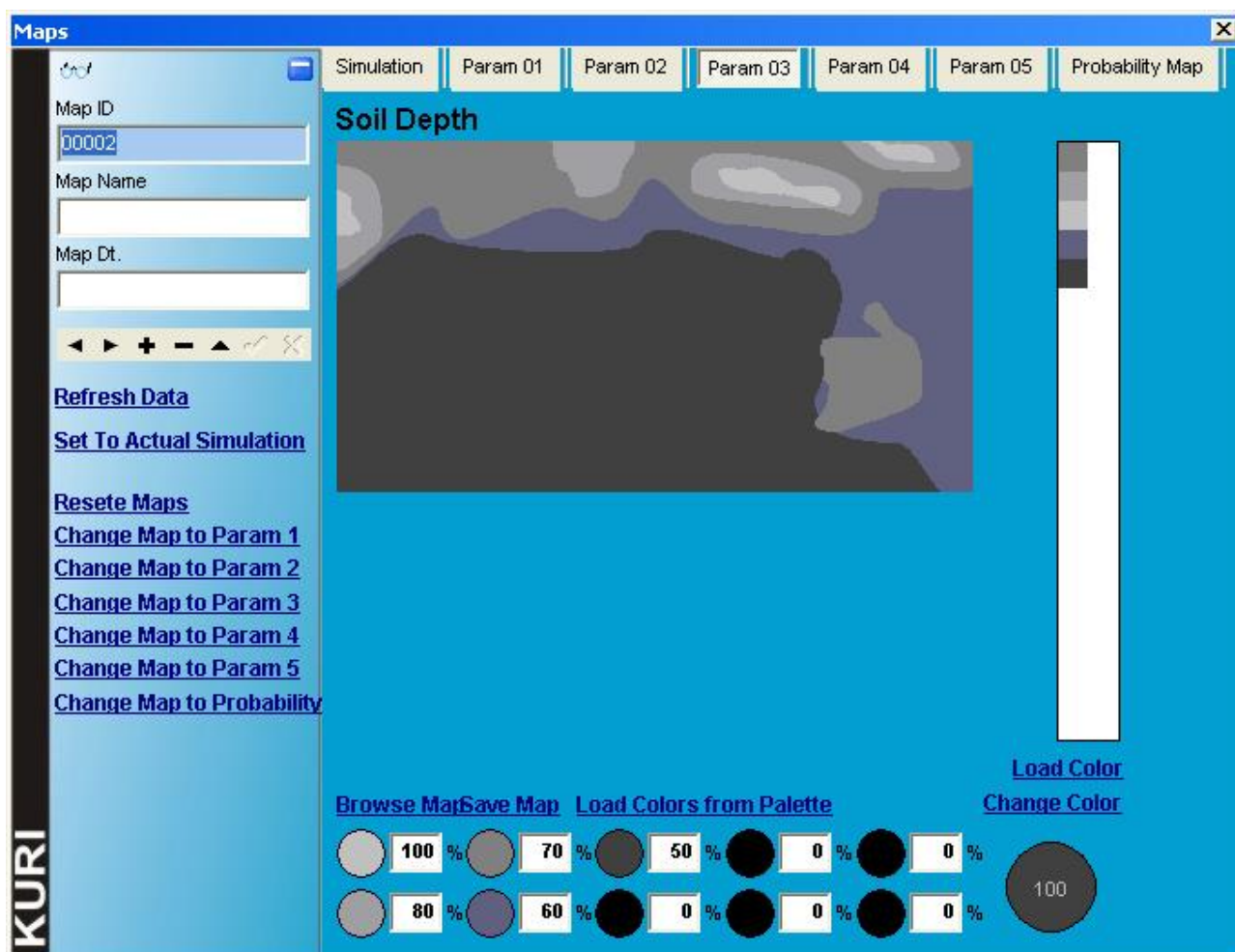


**Figura 5.2.** Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do parâmetro 1 (áreas impossíveis – *impossible areas*) baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR.

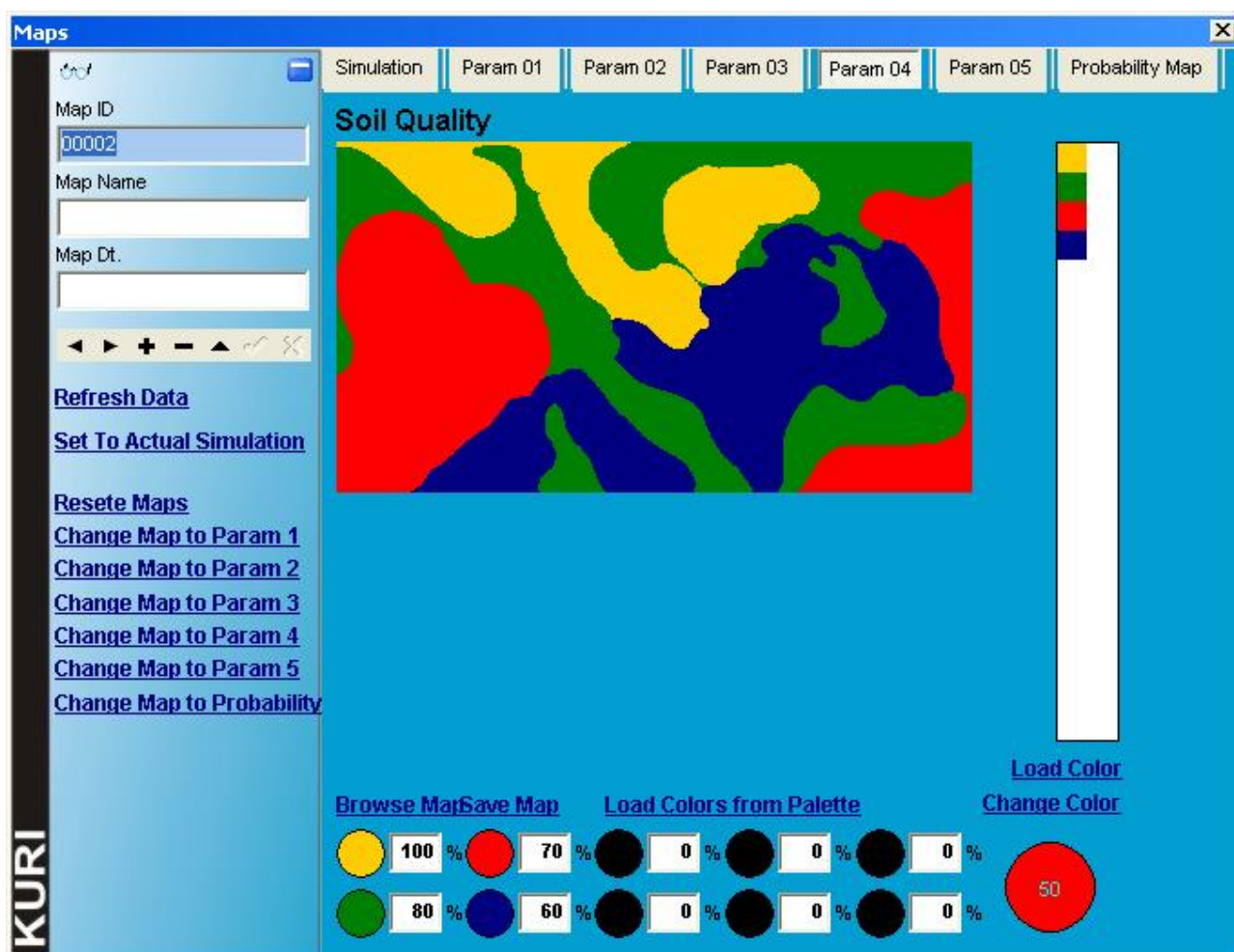




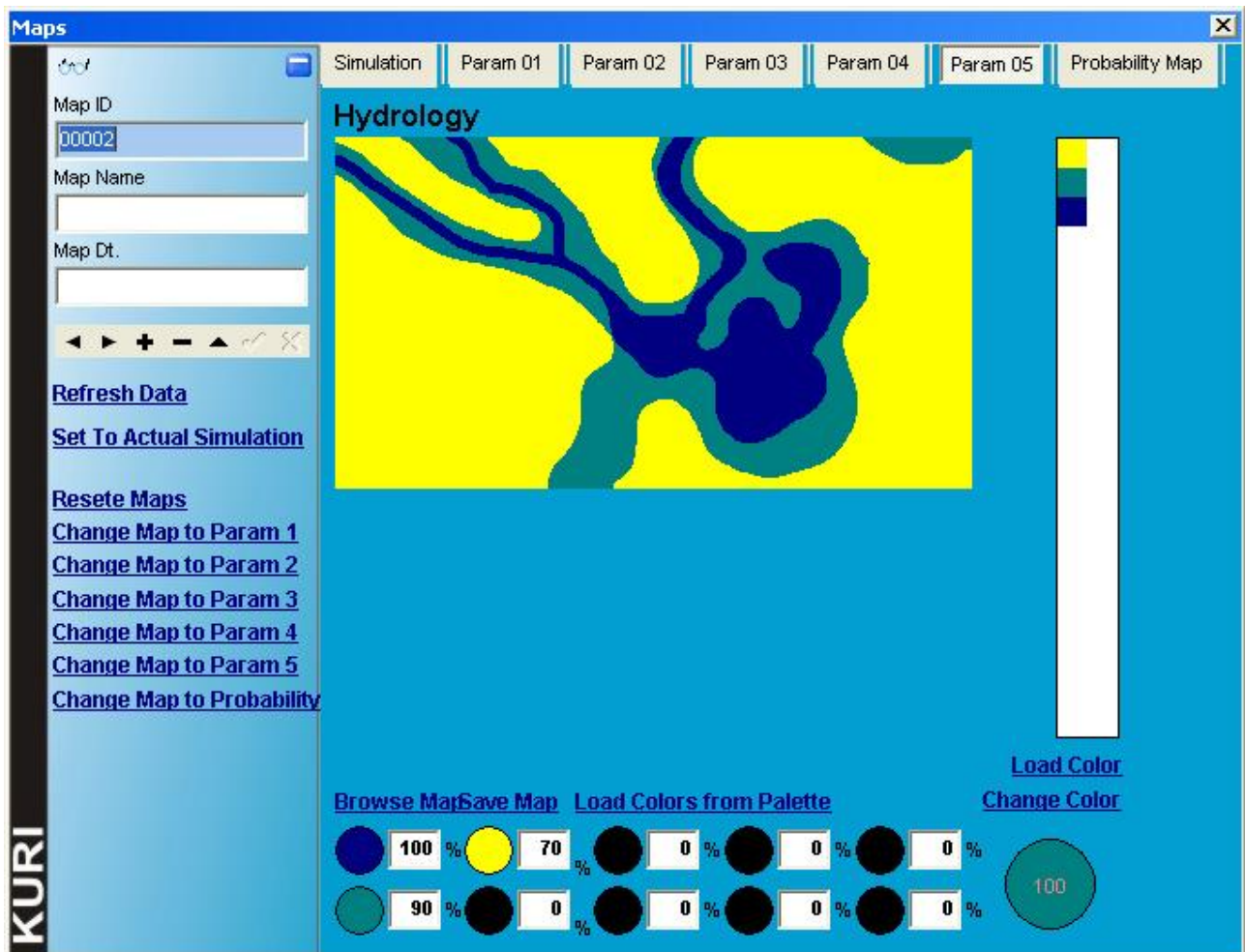
**Figura 5.3.** Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do parâmetro 2 (intervenção humana – *human intervention*) baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR.



**Figura 5.4.** Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do parâmetro 3 (profundidade do solo – *soil depth*) baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR.

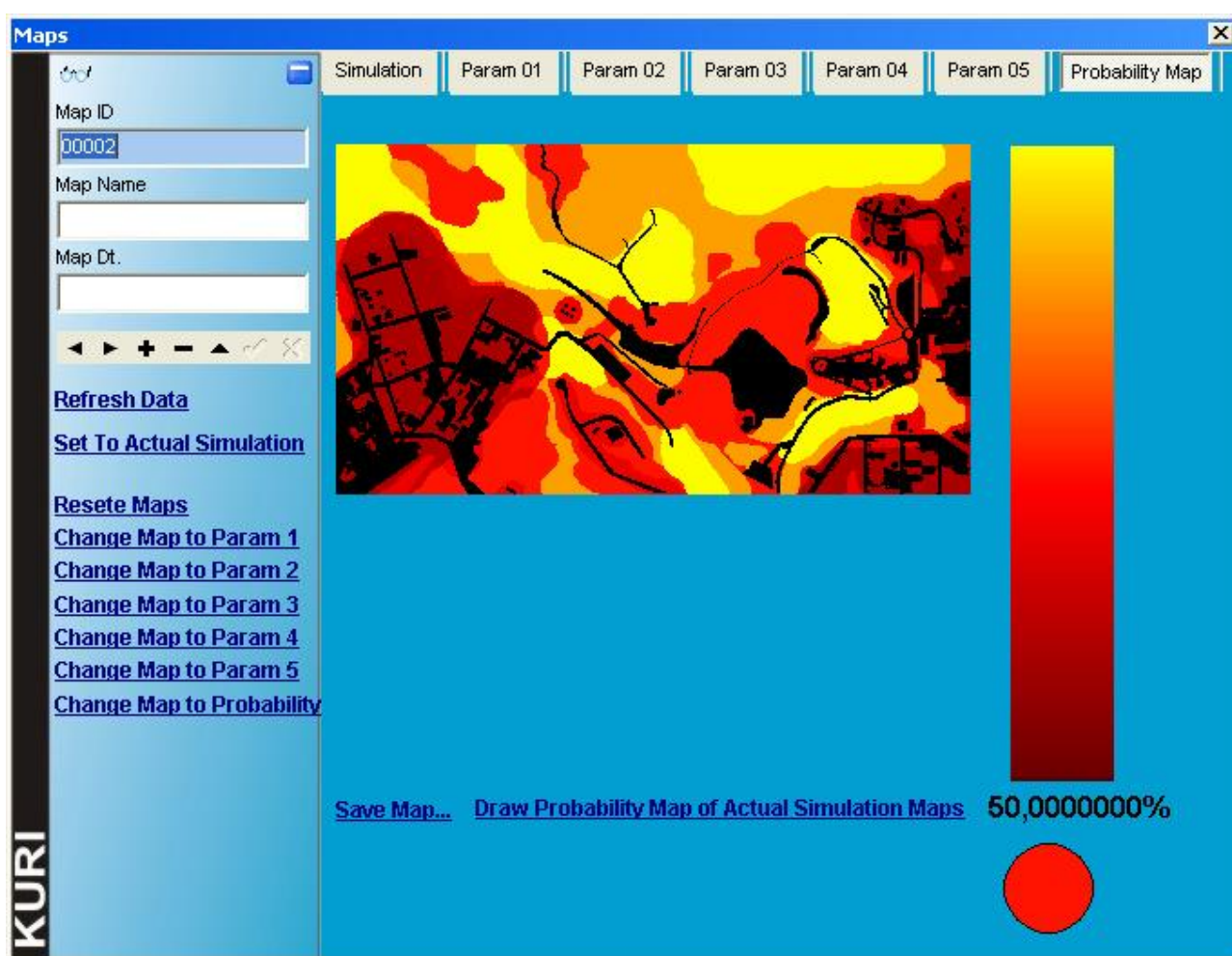


**Figura 5.5.** Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do parâmetro 4 (qualidade do solo – *soil quality*) baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR.

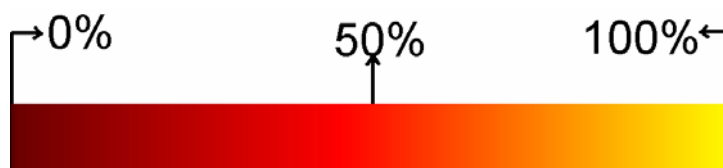


**Figura 5.6.** Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do parâmetro 5 (hidrologia – *hydrology*) baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR.





**Figura 5.7.** Interface gráfica paramétrica do KURI. Representação esquemática do Mapa de probabilidades baseada em imagem de satélite do Parque Tanguá em Curitiba/PR.



**Figura 5.8.** Esquema ilustrativo das cores do mapa de probabilidades, representando probabilidades de 0% a 100%.



### 5.2.2 Organização das Telas do KURI

O KURI é organizado em níveis hierárquicos de telas, abas e chamadas. As telas contêm chamadas, representadas por textos sublinhados escritos em azul, que abrem novas telas contendo diferentes funções do programa ou executam comandos. As telas podem conter divisões chamadas abas localizadas na parte superior da tela. Em uma aba também podem haver chamadas para novas telas ou comandos.

A tela de fundo é o ambiente de simulação e no seu canto inferior esquerdo há um ícone (KURI) que abre a tela KURI Menu (Figura 5.9) que é a tela principal, contendo chamadas para as demais telas do programa.



**Figura 5.9.** Tela *KURI Menu*, contendo chamadas para as demais telas do KURI.

### 5.2.3 Telas para cadastro de espécies

O KURI permite o cadastro dos seguintes parâmetros para cada espécie: imagem relativa à idade do espécime; raio de ocupação de espaço; raio de dispersão de semente e de pólen; idade máxima e idade reprodutiva (Figura 5.10). O usuário pode criar e carregar as imagens correspondentes à idade dos espécimes ou utilizar as imagens disponíveis no KURI para *Araucaria angustifolia*, *Eucalyptus spp* e *Pinus spp*.

Também nessa tela é possível cadastrar uma nova espécie, o número de cromossomos que serão utilizados na simulação e o número de locos por cromossomo. Cada cromossomo pode apresentar número de locos diferente dos demais, sendo que o número de locos por espécie é 100, independente da sua distribuição em cada cromossomo. Por exemplo, uma espécie pode ter 100 cromossomos com um locos cada, 10 cromossomos com 10 locos cada ou seis cromossomos com cinco locos, e quatro com dez locos e um com trinta locos. Desse modo, o valor máximo de 100 locos pode ser distribuído de modo a satisfazer as necessidades do usuário. Para cada loco é possível cadastrar até 26 alelos. É importante salientar que cada simulação não precisa obrigatoriamente incluir todos os cromossomos da espécie em questão, mas apenas aqueles para os quais existam dados de genotipagem disponíveis.

Após o cadastro dos cromossomos, seus locos e alelos, devem ser cadastrados os valores de recombinação entre locos adjacentes e de mutação para cada loco. É importante salientar que a frequência de recombinação deve ser cadastrada em forma de número inteiro que será convertido em frequência (dividido por 1000). Desse modo, o valor máximo a ser cadastrado é 500, que corresponde a 50% de recombinação. As taxas de mutação são valores inteiros que serão divisores de um. Assim, uma taxa de mutação de 0,0001 será cadastrada como 10.000.

As mutações geradas pelo KGOP não geram alelos que não estejam cadastrados no banco de dados da espécie em questão. De fato, essas mutações provocam o intercâmbio entre os diferentes alelos já cadastrados. Esses alelos cadastrados não precisam necessariamente estar presentes na população da simulação, mas devem pertencer ao banco de dados da espécie para que possam surgir por mutação ao longo da simulação.

O KURI gera populações iniciais em equilíbrio de Hardy-Weinberg, baseadas em frequências alélicas definidas pelo usuário. Calcula frequências alélicas e genotípicas para essas populações e para as populações geradas ao longo da simulação. Também

calcula o  $\chi^2$  para o equilíbrio de Hardy-Weinberg para essas populações. Essas mesmas funções podem ser realizadas em amostras das populações.

**Species**

Species's Name: Eucalyptus grandis Description: Eucaliptus com 1 cromosomo 2 locus um com 2 alelos e outro com 3 alelos

Image 01:  [Browse](#) Image 03:  [Browse](#) Image 05:  [Browse](#) Image 07:  [Browse](#) Image 09:  [Browse](#)

Image 02:  [Browse](#) Image 04:  [Browse](#) Image 06:  [Browse](#) Image 08:  [Browse](#) Image 10:  [Browse](#)

Reproductive Age:  Pollen Dispersion Ray:  Occupation Ray:  Pollen Per Cycle:

Max Age:  Seed Dispersion Ray:  Seeds Per Cycle:

[Delete Species](#) [Post Species Edition](#)

Chromosomes: 

ID	Loci Qty
01	01

Chromosomes 01: Loci: 01

Chromosomes 01: Loci: 01 Alleles: 01

ID	Name	Mut Rate	Rec Rate
01	CHR01LOC01	1/100000	500/1000
02	CHR01LOC02	1/100000	500/1000

ID	Name
01	CHR01LOC01.ALL01
02	CHR01LOC01.ALL02

[Delete Chrom](#) [Delete Locus](#) [New Locus](#) [Delete Allele](#) [New Allele](#)

**Figura 5.10.** Tela para cadastramento de espécies do KURI mostrando a espécie *Eucalyptus grandis*, incluindo imagem relativa à idade do espécime; raio de ocupação de espaço; raio de dispersão de semente e de pólen; idade máxima e idade reprodutiva.

#### 5.2.4 Telas para configuração e execução manual dos operadores genéticos do KURI (KGOP)

O Menu do KGOP permite selecionar cruzamentos particulares entre indivíduos e configurar presença ou ausência de recombinação, mutação e autofecundação (Figura 5.11).

**KGOP Croosbreed**

Spm ID: 34946  
 Add to P1: 19737  
 Add to P2: 34946

**Cross**

Include  
☐ Mutation  
☐ Recombination  
☒ Auto Cross

Generation: 0  
 Crosses Qty: 3  
 Run Crosses

**Selection**

Sim ID: 00007 Sim Name: 00007  
 Spc ID: 0001 Spc Name: Araucaria angustifolia

**Load Specimen's List**

Simulation's BioCom

Spc ID	Spc Name
0001	Araucaria angustifolia
0002	Pinus eliot
0003	Eucalyptus grandis

Spm ID	Sex	Px	Py	Age	Live	Generation ID
34939	0	826	11	0 L	101	
34940	0	437	424	0 L	101	
34941	0	349	141	0 L	101	
34942	0	517	279	0 L	101	
34943	0	478	523	0 L	101	
34944	0	520	556	0 L	101	
34945	0	454	418	0 L	101	
34946	0	468	495	0 L	101	

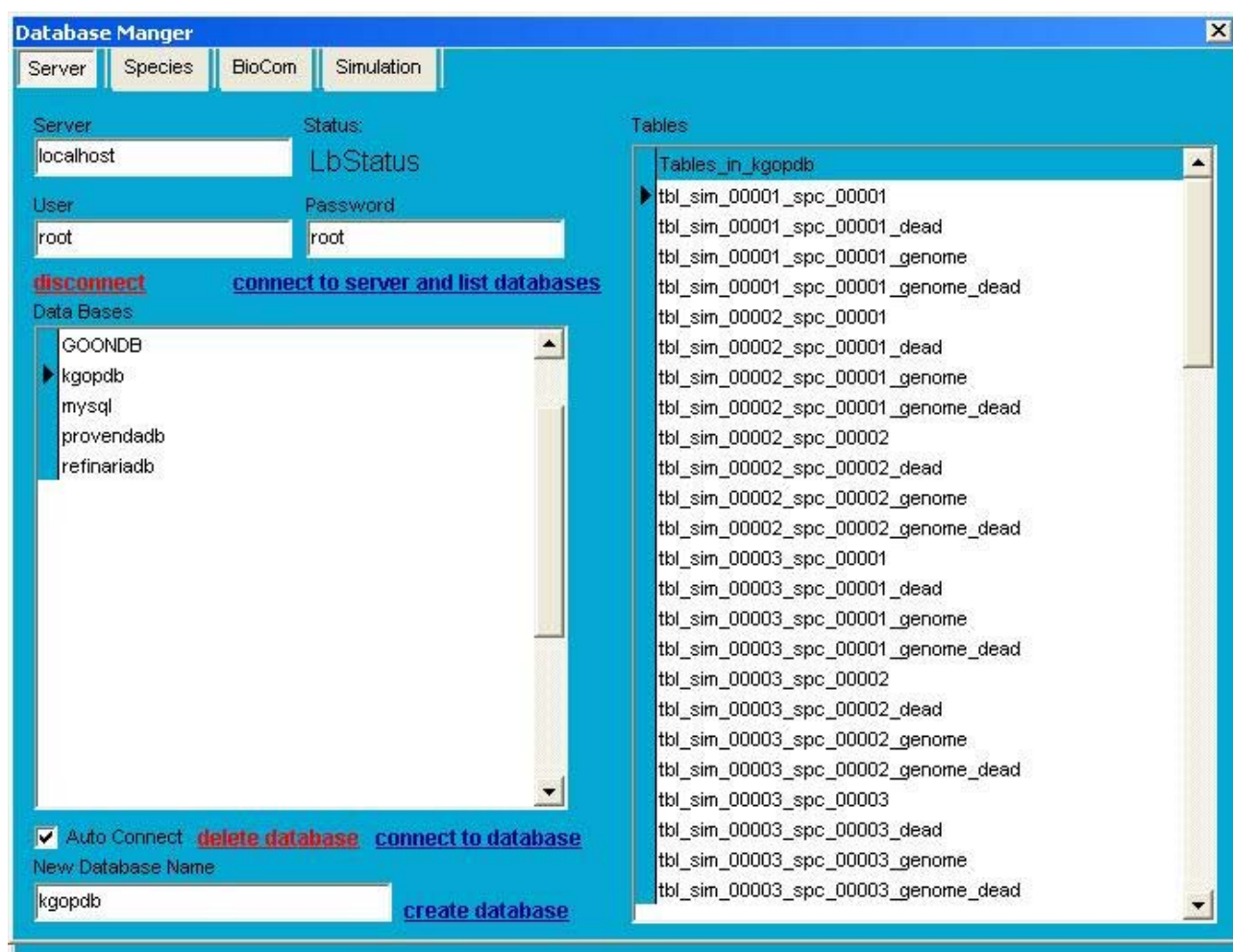
Rec 23802/23802

Genome

SpmID	SpmParental	Spm_Ch00001_Loc00001
34946	19599	1
34946	18561	1

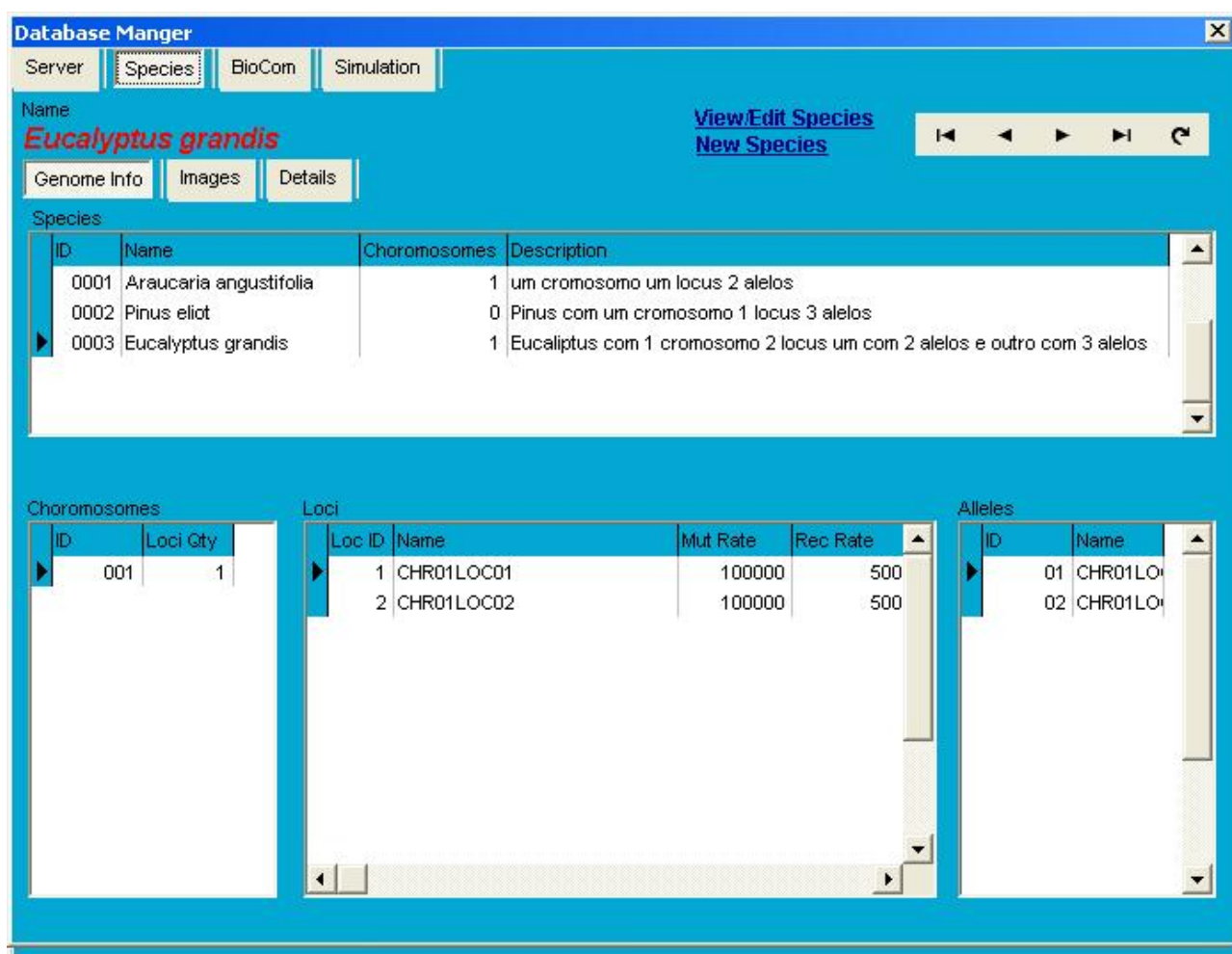
**Figura 5.11.** Tela Menu do KGOP para selecionar cruzamentos entre indivíduos e configurações de recombinação, mutação e autofecundação.

A tela *Database Manager* é composta por quatro abas: *Server*; *Species*; *BioCom* e *Simulation*. Na aba *Server* (Figura 5.12) o usuário informa as configurações para acesso ao banco de dados: endereço do IP (*Internet Protocol*) do computador que contém os bancos de dados (entrada: *Server*); usuário e senha do servidor do banco de dados (entradas: *user* e *password*, respectivamente); conexão e listagem dos bancos de dados (chamada: *connect to server and list databases*); *status* do servidor banco de dados (*connected* ou *disconnected*); listagem de bancos de dados presentes no servidor e a de tabelas presentes em cada banco de dados (opção disponível quando no status *connected*); criação bancos de dados (chamada: *create database*); exclusão de banco de dados (chamada: *delete database*).



**Figura 5.12.** Aba Server da tela *Database Manager* do KURI.

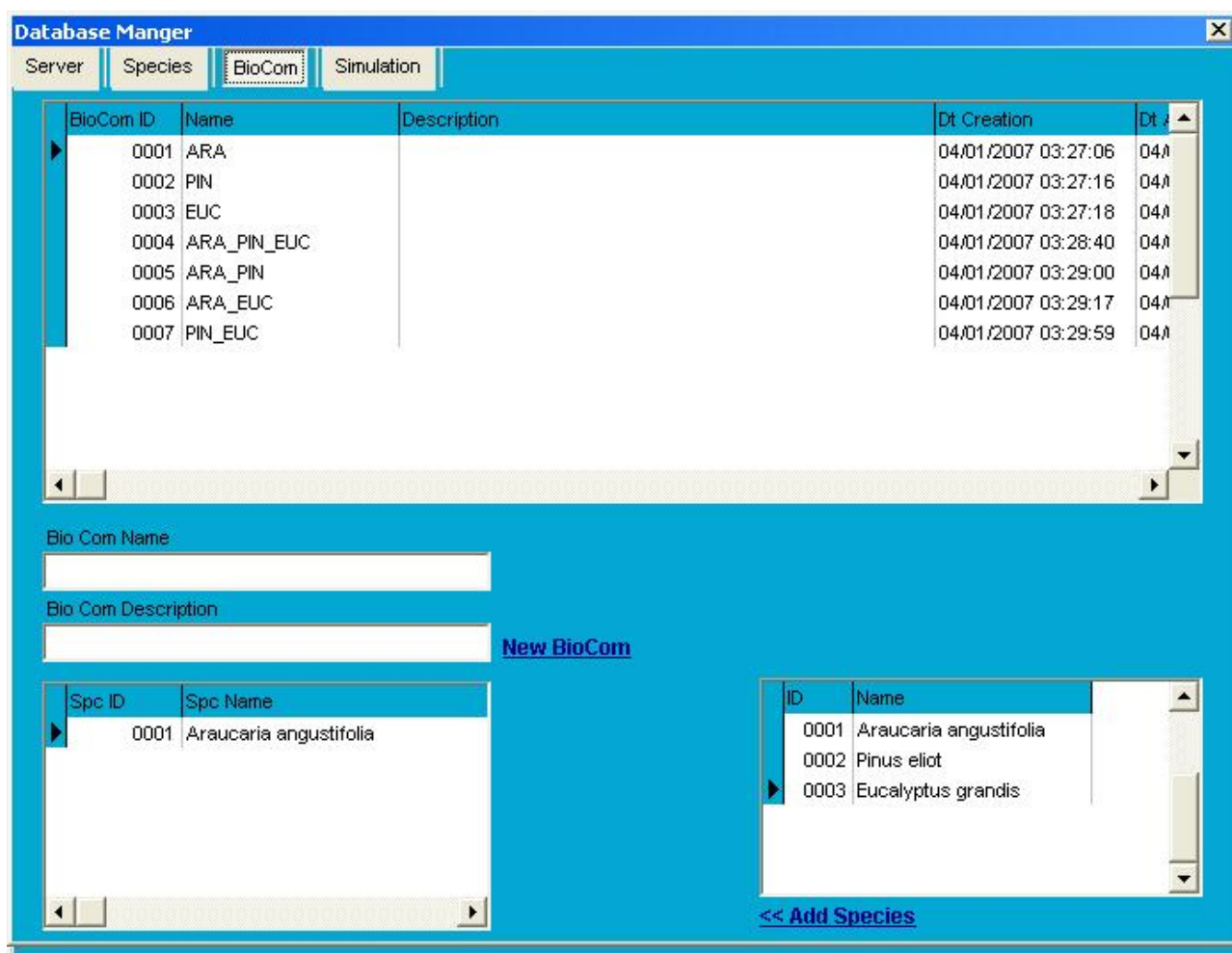
Na aba *Species* (Figura 5.13). da tela *Database Manager* do KURI são visualizados e editados os dados já cadastrados através da chamada *View/Edit Species* que abre a tela *Species* (Figura 5.10). O cadastro de novas espécies é efetuado pela chamada *New Species* que abre a tela *Species* já mostrada na Figura 5.10.



**Figura 5.13.** Aba *Species* da tela *Database Manager* do KURI.

Na aba *BioCom* da tela *Database Manager* (Figura 5.14) são cadastradas as Comunidades Biológicas, incluindo o nome de identificação da comunidade, uma pequena descrição da comunidade e a lista de espécies presentes.





**Figura 5.14.** Aba *BioCom* da tela *Database Manager* do KURI.

Na aba *Simulation* da tela *Database Manager* (Figura 5.15) é cadastrada a Comunidade Biológica de cada simulação, incluindo o nome de identificação da simulação, mapa utilizado, área da simulação, configuração da direção do vento, ciclo atual, data de criação e tamanho das células da grade de dispersão de pólen e sementes. Também são visualizadas chamadas para a criação e visualização das tabelas com a lista de espécimes de cada espécie (Figura 5.16; chamadas: *Create Specimen's List* e *Show Specimen's List*, respectivamente).

**Database Manger**

Server Species BioCom **Simulation**

Simulation's List

Sim ID	Sim Name	BioCom ID	Maps ID	Dt. Creation	Dt. Alteration	Actual Cycle	Simulation	Simulation	Grid Cell
00001	TESTE 01 SÓ ARA	00001	00001	04/01/2007 03:3	04/01/2007 03	02219	01000	1000	025
00002	TESTE 02 ARA_PIN	00005	00001	04/01/2007 03:3	04/01/2007 03	00000	01000	1000	025
00003	TESTE 03 ARA_PIN	00004	00001	04/01/2007 03:3	04/01/2007 03	00000	01000	1000	025
00004	Só Pinus	00002	00001	04/01/2007 07:2	04/01/2007 07	00064	01000	1000	025
00005	APEx1000	00004	00001	04/01/2007 09:3	04/01/2007 09	00387	01000	1000	025
00006	Teste Lupe	00001	00001	04/01/2007 17:2	04/01/2007 17	00093	01000	1000	020
00007	Dissertação	00004	00002	04/01/2007 20:4	04/01/2007 20	00101	03100	1712	050

Simulation's BioCom

Spc ID	Spc Name
0001	Araucaria angustifolia
0002	Pinus eliot
0003	Eucalyptus grandis

New Simulation Name

BioCom ID	Name
0001	ARA
0002	PIN
0003	EUC
0004	ARA_PIN_EUC
0005	ARA_PIN

[Create a New Simulation](#)  
[Load Data To Memory to Run the Simulation](#)  
[Remove Dead](#)  
[Set Simulation Size from actual Map](#)  
[Set Simulation Cycle to Zero](#)

[Create Specimen List](#)   [Show Specimens's List](#)  
[Show All Specimens's List](#)

Figura 5.15. Aba *Simulation* da tela *Database Manager* do KURI.



**Specimen List Viewer [tbl\_sim\_00007\_spc\_00001]**

Specimen List

Spm ID	Sex	Px	Py	Age	Live	Generation ID	Actual Se
11129	0	733	495	69	L	32	0
11130	0	1972	539	69	L	32	0
11131	0	2268	1077	69	L	32	0
11132	0	1130	991	68	L	33	0
11133	0	2006	686	68	L	33	0
11134	0	959	1246	67	L	34	0
11135	0	1073	927	67	L	34	0
11136	0	1825	557	67	L	34	0
11137	0	1786	571	67	L	34	0
11138	0	1542	424	67	L	34	0
11139	0	1776	827	67	L	34	0
11140	0	2921	93	67	L	34	0
11141	0	1701	730	66	L	35	0
11142	0	1752	540	65	L	36	0
11143	0	1817	567	56	L	45	0
11144	0	2383	1437	55	L	46	0

1000

☐ Setep by step  
☐ Show Rec No Pi

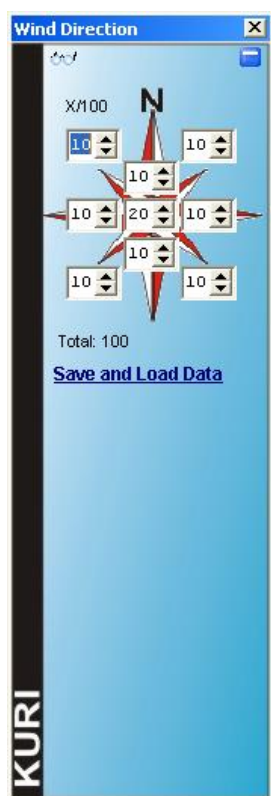
[Create Specimen](#)  
[Refresh Data](#)  
[Delete All Specimens](#)  
[Delete Nexts](#)  
[Get Cell](#)  
[To Plant With Mouse](#)  
[View Spm Commands](#)

Rec 1/23802  
Genome

SpmID	SpmParental	Spm_Ch00001_Loc00001
11129	11115	1
11129	11115	1

**Figura 5.16.** Tela *Specimen's List Viewer* do KURI.

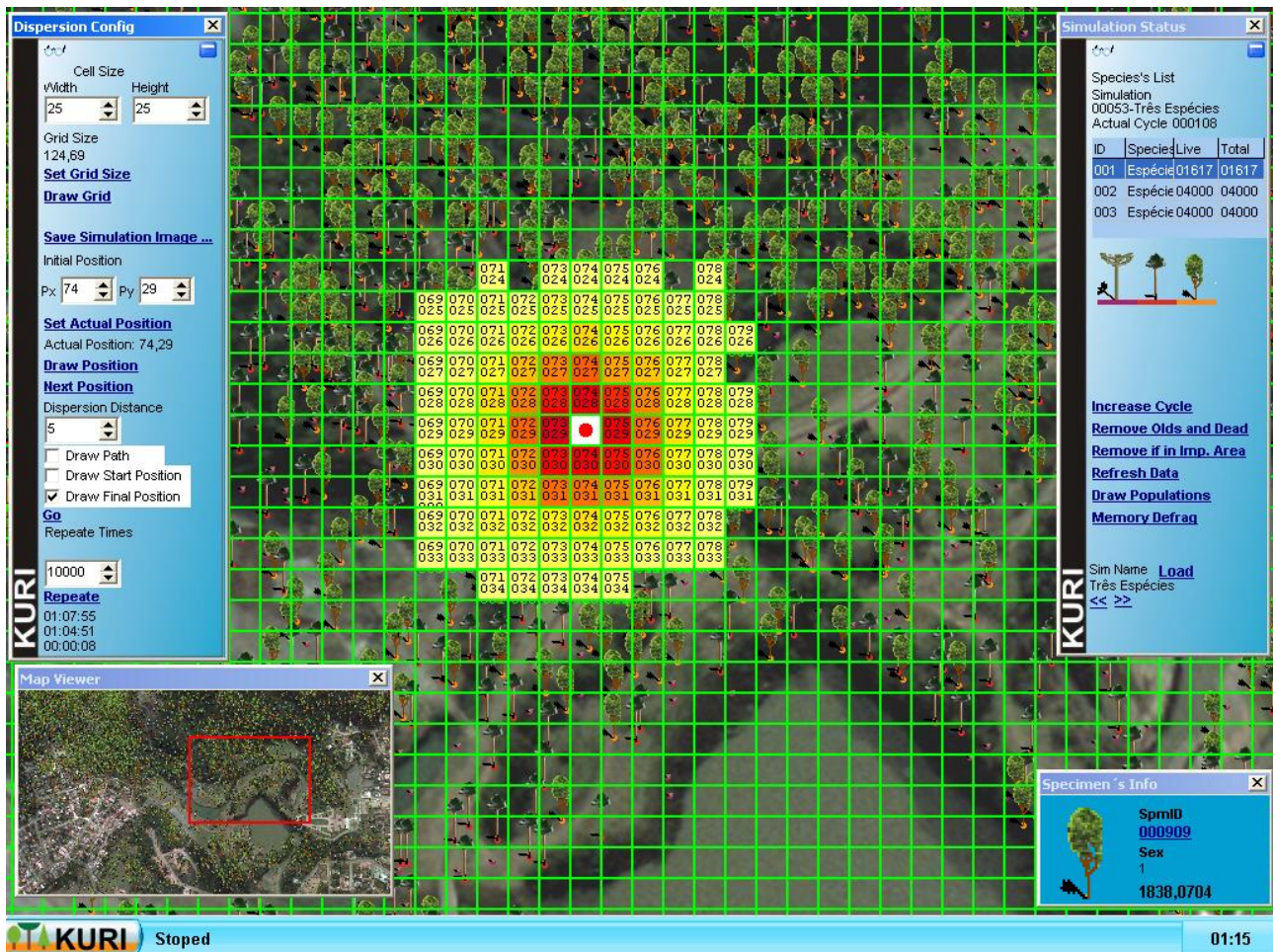
A direção do vento, que pode ser cadastrada diretamente na aba *Simulation*, também pode ser alterada pelo menu *Wind direction* (Figura 5.17), cuja chamada encontra-se no *KURI menu*.



**Figura 5.17.** Tela *Wind Direction* para configuração das probabilidades de direção do vento.

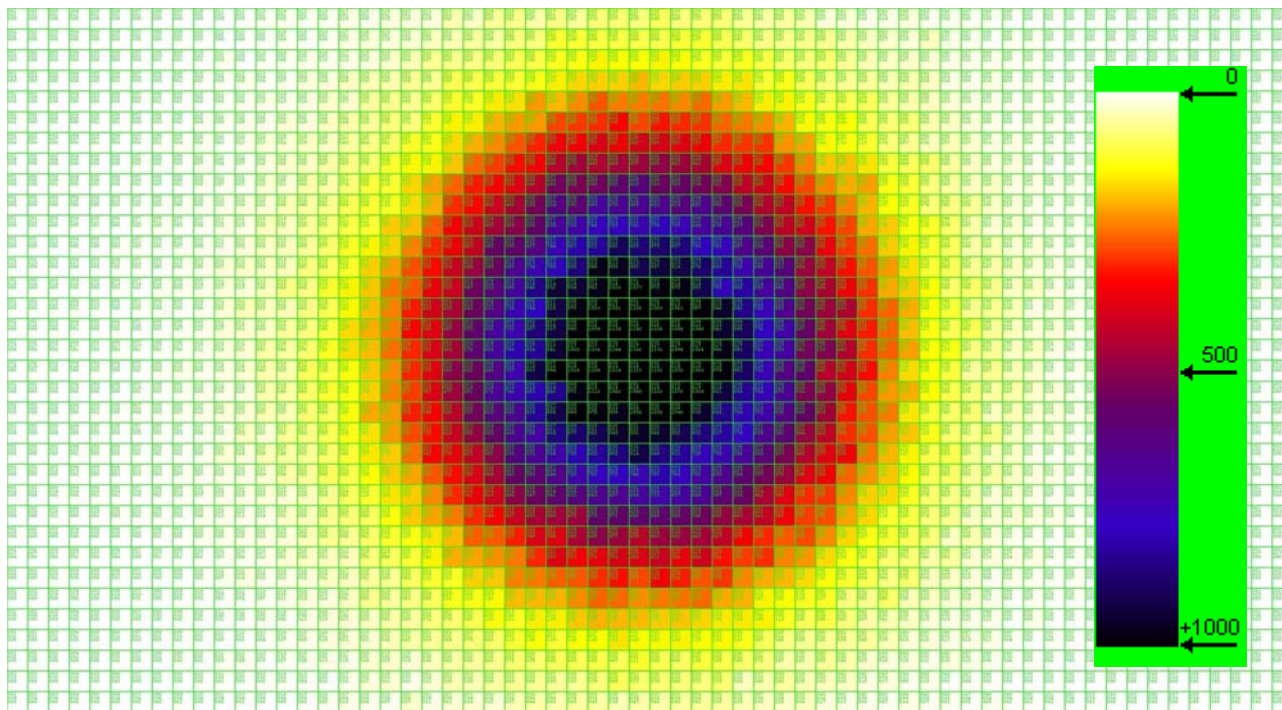
### 5.3 DISPERSÃO DE PÓLEN E DE SEMENTES

Para simular a dispersão de pólen e de sementes, considerando a influência do vento e não apenas um destino aleatório na área de simulação, devem ser consideradas probabilidades diferentes de acordo com a direção do vento (ver Figura 5.17). Desse modo, o destino do pólen e das sementes está associado à probabilidade de cada uma das direções. Para cada pólen ou semente é gerada “n” vezes a probabilidade de direção da dispersão, onde “n” corresponde ao número máximo de células da grade de dispersão que o pólen ou semente pode alcançar. O valor de “n” é configurado na tela *Species* (ver Figura 5.10) e pode ser modificado pelo usuário, para cada espécie da comunidade biológica da simulação. O número de células da grade depende do tamanho da célula, que é configurado na tela *Dispersion Config* e do tamanho da área de simulação. Na Figura 5.18 é mostrado o resultado de 10.000 dispersões a partir da mesma origem. A Figura 5.19 representa o mesmo fenômeno para 1.000.000 de dispersões. Nas Figuras 5.18 e 5.19 a cor das células representa a quantidade de itens dispersos que saíram do ponto inicial e atingiram a célula em questão.



**Figura 5.18.** Resultado de 10.000 dispersões a partir da mesma origem (círculo vermelho). Em verde limão a grade de dispersão. A tela *Dispersion Config* é mostrada a esquerda da figura.





**Figura 5.19.** Resultado de 1.000.000 de dispersões a partir da mesma origem (centro da figura). Em verde a grade de dispersão. À direita a legenda de cores correspondentes à quantidade de itens presentes em cada célula.

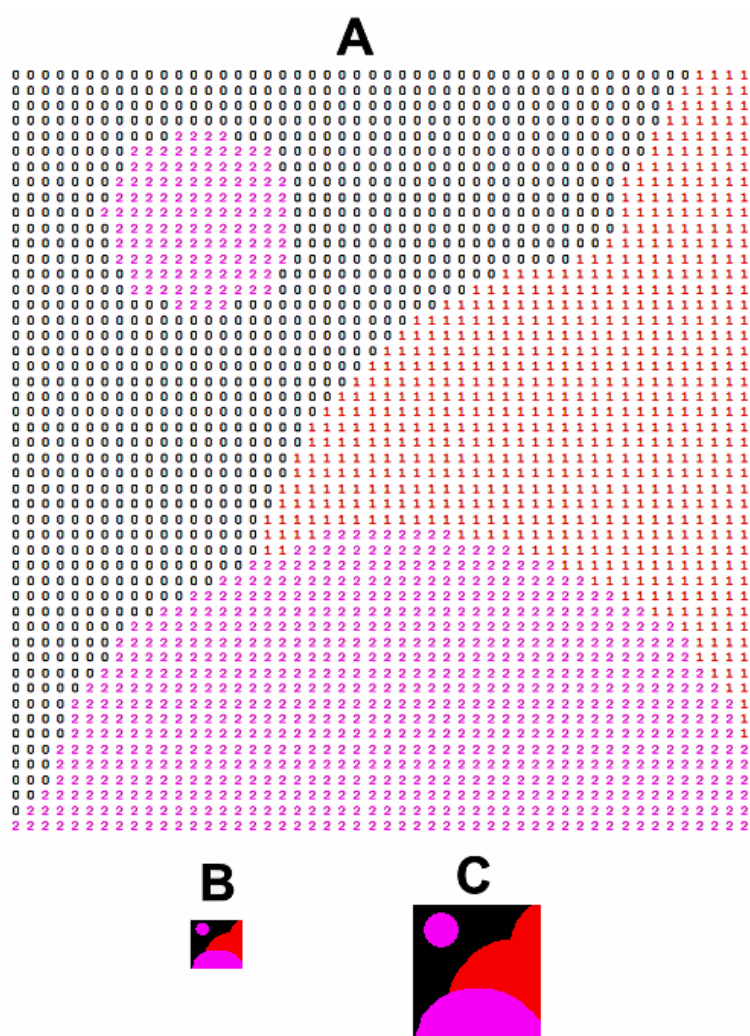
#### 5.4 FUNCIONAMENTO DOS PARÂMETROS GRÁFICOS

A alimentação de dados de parâmetros de caracterização da paisagem, como aqueles utilizados na interface gráfica do KURI, geralmente é bastante trabalhosa, em decorrência do volume de dados a serem carregados para rodar a simulação. O volume de dados é grande, pois os valores dos parâmetros variam amplamente ao longo da área na qual a simulação está sendo executada. Por exemplo, considerando a profundidade do solo, os valores desse parâmetro podem variar em cada ponto da área, tornando a alimentação de dados uma tarefa exaustiva.

Uma maneira de reduzir o trabalho de alimentação de dados é dividir a área em células e utilizar um valor médio para o parâmetro em questão dentro de cada célula. Porém, quanto maior o detalhamento das informações para um determinado parâmetro, maior o número de células necessário para representar a variação paramétrica da área da simulação.

A alimentação dos dados relativos aos parâmetros gráficos do KURI foi desenvolvida a partir da seguinte lógica: se o número de células aumenta de acordo com o detalhamento das informações paramétricas, então o número máximo de células (que é

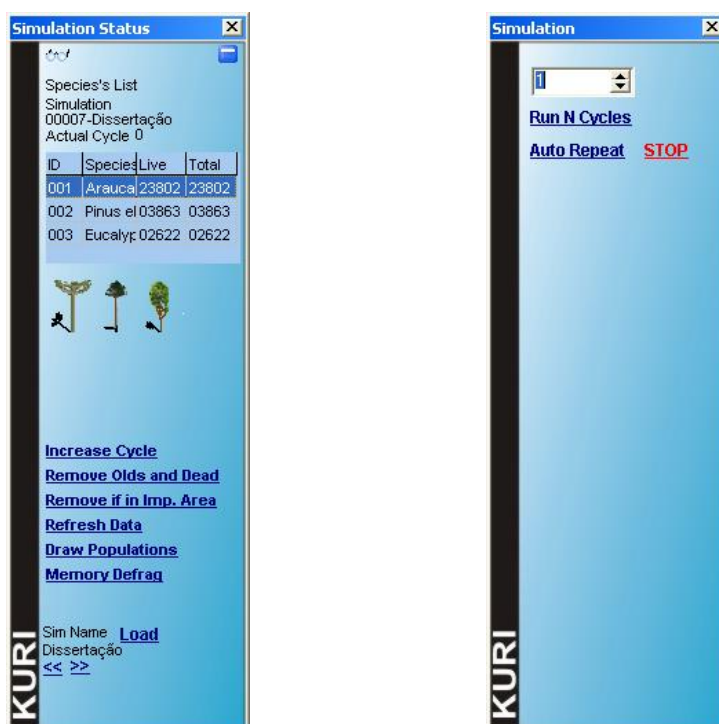
função do tamanho da área de simulação) é sempre disponibilizado ao usuário, de modo que cada célula corresponde a um *pixel* da imagem. Para contornar o trabalho exaustivo de preenchimento numérico dos valores paramétricos por *pixel*, as médias (valores numéricos) são representadas por cores, de modo que regiões diferentes da área de simulação que apresentam a mesma média têm a mesma cor. Considerando que a simulação *default* do KURI tem 3.100 x 1.712 pixels, o usuário teria que digitar 5.307.200 dados para alimentar apenas um parâmetro. A análise da Figura 5.20 permite visualizar a diferença entre um conjunto de médias paramétricas representadas em uma tabela numérica e em um esquema de cores.



**Figura 5.20.** Comparação entre um conjunto de médias paramétricas representadas em uma tabela numérica e em um esquema de cores. Em “A” um esquema representando os números necessários para informar os dados relativos a uma área de 50x50 pixels. Em “B” está representada como imagem paramétrica a mesma área de 50x50 pixels que está ampliada em “C” para melhor visualização.

## 5.5 EXEMPLOS DE SIMULAÇÕES: MONTAGEM, EXECUÇÃO E CONSIDERAÇÕES

Para montar uma simulação devem ser configurados todos os parâmetros anteriormente discutidos. O primeiro passo é criar o banco de dados na aba *Server* da tela *Database Manager* (ver Figura 5.12). Nesse banco de dados são cadastradas nessa ordem: espécies; comunidades biológicas e a simulação. O segundo passo é selecionar o mapa da área de simulação e seus parâmetros e vinculá-lo à simulação. Realizada essa etapa, deve ser aberta a tela *Simulation Status* (Figura 5.21), cuja chamada encontra-se no KURI Menu (ver Figura 5.9). Nessa tela deve ser acionada a chamada *Load* que carrega a simulação na memória do computador. Uma vez armazenada a simulação, a tela *Simulation Status* exibe a lista de espécies da simulação. Um duplo clique no nome da espécie abre a tela para criação de indivíduos (*Specimen's List Viewer*, ver Figura 5.16). Nessa tela deve ser configurado o número inicial de espécimes e acionada a chamada *Create Specimen*. Esse processo deve ser repetido para cada uma das espécies presentes na comunidade biológica. Uma vez cadastrados os espécimes, a tela *Simulation* (Figura 5.21) deve ser aberta a partir da chamada *Simulation Commands* presente no KURI Menu. Nessa tela pode ser configurado o tipo de simulação que se deseja rodar: com número fixo de ciclos (*Run N Cycles*) ou com repetições infinitas (*Auto Repeat*).



**Figura 5.21.** Esquerda: tela *Simulation Status*, exibindo a lista de espécies da simulação. Direita: tela *Simulation*, com os comandos para o tipo de simulação que se deseja rodar.

Para a montagem da simulação exemplo com três espécies o simulador foi configurado com os dados das espécies descritos na Tabela 5.1 e o KGOP foi configurado do seguinte modo: um cromossomo, contendo apenas um loco com dois alelos. Cada espécie inicia com 100 indivíduos aleatórios, todos em idade reprodutiva. Na Tabela 5.2 são mostradas as frequências alélicas e genotípicas das três populações iniciais, bem como os valores de  $\chi^2$  para o equilíbrio de Hardy-Weinberg, indicando que as três populações estão em equilíbrio.

O tamanho da área de simulação foi de 3.100 x 1.712 pixels e o tamanho de cada célula da grade foram de 25 x 25 pixels. A configuração do vento foi a seguinte: Norte 10%; Nordeste 10%; Leste 10%; Sudeste 10%; Sul 10%; Sudoeste 10%; Oeste 10%; Noroeste 10% e Centro 20%.

Os cinco parâmetros da paisagem foram configurados como mostrado nas Figuras 5.2 a 5.7.

**Tabela 5.1.** Dados de configuração das espécies A, B e C, constituintes da comunidade biológica ABC.

Parâmetros	<i>Espécie A</i>	<i>Espécie B</i>	<i>Espécie C</i>
Idade reprodutiva	10	10	10
Raio de dispersão de pólen	10	10	10
Raio de ocupação	2	2	2
Quantidade de pólen por ciclo	10	10	10
Idade máxima	100	100	100
Raio de dispersão da semente	10	10	10
Quantidade de sementes por ciclo	100	100	100

**Tabela 5.2.** Frequências alélicas e genotípicas das três populações iniciais e valores de  $\chi^2$  para o equilíbrio de Hardy-Weinberg.

	<i>Espécie A</i>	<i>Espécie B</i>	<i>Espécie C</i>
Alelo p	0,52	0,50	0,50
Alelo q	0,48	0,50	0,50
Genótipo pp	0,24	0,26	0,25
Genótipo pq	0,56	0,48	0,50
Genótipo qq	0,20	0,26	0,25
$\chi^2$	1,48	0,16	0

Nas Tabelas 5.3 e 5.4 são mostradas as frequências alélicas e genotípicas das três populações e os valores de  $\chi^2$  para o equilíbrio de Hardy-Weinberg após um, dois, dez, 15 e 20 ciclos.

**Tabela 5.3.** Frequências alélicas e genotípicas das três populações e os valores de  $\chi^2$  para o equilíbrio de Hardy-Weinberg após um, dois e dez ciclos.

	<i>Espécie A</i>			<i>Espécie B</i>			<i>Espécie C</i>		
Ciclos	1	2	10	1	2	10	1	2	10
N	266	439	1483	180	256	821	282	458	1479
Alelo p	0,502	0,505	0,530	0,503	0,488	0,512	0,489	0,495	0,508
Alelo q	0,498	0,495	0,470	0,497	0,512	0,488	0,511	0,505	0,492
Genótipo pp	0,252	0,248	0,288	0,267	0,250	0,272	0,252	0,253	0,260
Genótipo pq	0,500	0,513	0,484	0,472	0,477	0,480	0,475	0,483	0,495
Genótipo qq	0,248	0,239	0,228	0,261	0,273	0,248	0,273	0,264	0,245
$\chi^2$	0	0,278	1,179	0,555	0,550	1,293	0,683	0,555	0,145



**Tabela 5.4.** Frequências alélicas e genotípicas das três populações e os valores de  $\chi^2$  para o equilíbrio de Hardy-Weinberg após 15 e 20 ciclos.

Ciclos	<i>Espécie A</i>		<i>Espécie B</i>		<i>Espécie C</i>	
	15	20	15	20	15	20
N	4894	7693	2412	5101	5146	8462
Alelo p	0,514	0,519	0,525	0,530	0,523	0,501
Alelo q	0,486	0,481	0,475	0,470	0,477	0,499
Genótipo pp	0,272	0,276	0,284	0,293	0,261	0,260
Genótipo pq	0,485	0,485	0,481	0,474	0,484	0,482
Genótipo qq	0,244	0,239	0,235	0,232	0,255	0,258
$\chi^2$	<b>4,369</b>	<b>6,220</b>	3,236	<b>11,570</b>	<b>5,088</b>	<b>11,355</b>

Em vermelho valores significativos.

Considerando os resultados das Tabelas 5.3 e 5.4, é possível verificar que as populações se mantêm em equilíbrio de Hardy-Weinberg nos primeiros ciclos e que entram em desequilíbrio à medida que as populações aumentam. Uma possível hipótese é que o aumento das populações leve a uma diminuição do espaço disponível para a germinação de novos indivíduos, havendo competição entre as sementes por espaço disponível. À medida que as áreas de maior probabilidade de germinação (definidas a partir do mapa de probabilidades) vão sendo ocupadas, diminui o crescimento populacional até que seja atingida a capacidade máxima de suporte da área da simulação. Como a probabilidade de germinação independe dos genótipos dos indivíduos, as frequências genotípicas variam ao acaso, dependendo apenas das características da paisagem, ou seja, da probabilidade de atingir uma região adequada disponível.

Na Figura 5.22 pode ser visualizada a saída gráfica do KURI do resultado da simulação descrita anteriormente após 20 ciclos.

## A - Imagem Inicial



## B - Imagem Final



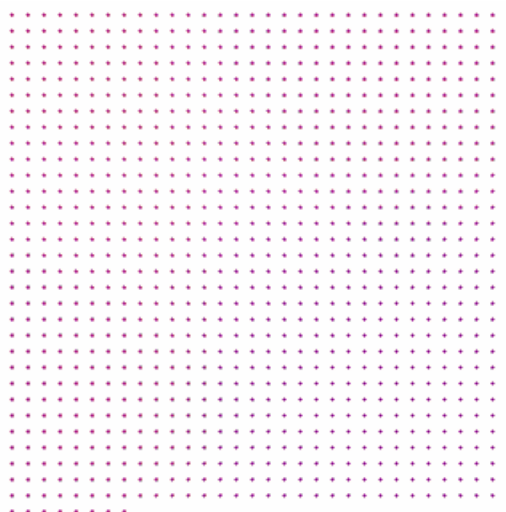
**Figura 5.22.** Saída gráfica do KURI do em “A” é representada a imagem inicial, sem os ícones de árvores simuladas e em “B” o resultado da simulação descrita anteriormente após 20 ciclos.

Para testar o funcionamento do KURI foram efetuados cinco tipos diferentes de simulação, utilizando apenas uma espécie cada. Para todas as simulações realizadas alguns parâmetros foram invariáveis: um loco com dois alelos; tamanho inicial da população ( $N = 1000$ ); tamanho da área de simulação ( $1000 \times 1000$  pixels) com probabilidade de germinação de 100% em posição não ocupada (sem limitações ambientais); posição inicial dos indivíduos (distância de  $50 \times 50$  pixels uns dos outros; Figura 5.23); raio de dispersão do pólen (50), número de pólen por ciclo (50); raio de dispersão da semente (50); número de sementes por ciclo (2); idade reprodutiva e idade máxima (zero) e ativação do comando de não sobreposição de gerações (*no overlapping generations*). Para os cinco tipos foram simulados 25 ciclos.

A posição inicial dos indivíduos faz com que sua distribuição seja constante na área de simulação, impedindo a formação de grupos isolados de indivíduos que gerariam diferenças regionais na densidade populacional e, conseqüentemente, cruzamentos preferenciais dentro desses adensamentos populacionais.

Os raios de dispersão utilizados nas simulações (50) permitem que grãos de pólen e sementes possam, a partir do centro, atingir as bordas da área de simulação. Como não há 100% de probabilidade de germinação para cada semente em decorrência da competição por espaço, o número de sementes deve ser maior que o número de indivíduos de modo a garantir a manutenção da população.

As idades reprodutiva e máxima iguais a zero impedem a reprodução de indivíduos pertencentes a gerações diferentes e a ativação da opção *no overlapping generations* remove os indivíduos mortos após a reprodução e antes da distribuição de sementes. Desse modo, não há competição por espaço na área de simulação entre as gerações (ciclos diferentes), passando a competição por espaço a depender do eventual aumento do tamanho da população dentro de cada ciclo. Como as idades reprodutiva e máxima são iguais a zero, todos os indivíduos morrem após se reproduzirem uma única vez, de modo que as novas sementes não competem com seus genitores por espaço na área de simulação. Porém, as novas sementes competem entre si por espaço, de modo que quanto maior o número de novas sementes em um ciclo, maior a competição por espaço. A Tabela 5.5. mostra as condições variáveis para cada tipo de simulação.



**Figura 5.23.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos no ciclo inicial (0) para os cinco Tipos de Simulação (I, II, III, IV e V).

**Tabela 5.5.** Condições de vento, raio de ocupação e freqüências alélicas e genotípicas iniciais de cinco tipos de Simulações.

Sim. <sup>1</sup>	Vento	R.O.	Freqüências alélicas e genotípicas
<b>Tipo I</b>	NO = 1%; N = 24%; NE = 1%; O = 23%; C = 1%; L = 24%; SO = 1%; S = 24% e SE = 1%.	03	$p = 0,5$ ; $q = 0,5$ ; $p^2 = 0$ ; $2pq = 1,0$ ; $q^2 = 0$
<b>Tipo II</b>	NO = 1%; N = 24%; NE = 1%; O = 23%; C = 1%; L = 24%; SO = 1%; S = 24% e SE = 1%.	03	$p = 0,05$ ; $q = 0,95$ ; $p^2 = 0,003$ ; $2pq = 0,095$ ; $q^2 = 0,902$
<b>Tipo III</b>	NO = 1%; N = 24%; NE = 1%; O = 23%; C = 1%; L = 24%; SO = 1%; S = 24% e SE = 1%.	01	$p = 0,5$ ; $q = 0,5$ ; $p^2 = 0$ ; $2pq = 1,0$ ; $q^2 = 0$
<b>Tipo IV</b>	NO = 1%; N = 24%; NE = 1%; O = 23%; C = 1%; L = 24%; SO = 1%; S = 24% e SE = 1%.	06	$p = 0,5$ ; $q = 0,5$ ; $p^2 = 0$ ; $2pq = 1,0$ ; $q^2 = 0$
<b>Tipo V</b>	NO = 1%; N = 1%; NE = 1%; O = 1%; C = 92%; L = 1%; SO = 1%; S = 1% e SE = 1%.	03	$p = 0,5$ ; $q = 0,5$ ; $p^2 = 0$ ; $2pq = 1,0$ ; $q^2 = 0$

Sim. = Simulação; R.O. = Raio de ocupação do espécime. NO = Noroeste; N = Norte; NE = Nordeste; O = Oeste; C = Centro; L = Leste; SO = Sudoeste; S = Sul e SE = Sudeste.

<sup>1</sup> = Foram realizadas cinco repetições para os Tipos I, II, IV e V.

Para cada Tipo (I, II, III, IV e V) foram simulados 25 ciclos e para cada ciclo os seguintes valores foram analisados: tamanho da população (N), freqüências alélicas (p e q) e genotípicas (pp, pq e qq) e valores de  $\chi^2$  para o equilíbrio de Hardy-Weinberg. Nas Tabelas 5.6, 5.7, 5.8, 5.9 e 5.10 podem ser observados os valores analisados para os cinco primeiros ciclos e para os ciclos 10, 15, 20 e 25 de cada Tipo de Simulação realizado (I, II, III, IV e V, respectivamente). Nos Tipos I, II e IV foram realizadas cinco repetições, partindo dos mesmos valores iniciais (RI, RII, RIII, RIV e RV). Os valores de  $\chi^2$  foram calculados pelo programa Statistica para Windows (Statsoft, Inc., 1996).



**Tabela 5.6.** Tamanho da população (N), frequências alélicas (p) e genotípicas (pp, pq e qq) e valores de  $\chi^2$  ( $_{GL = 1}$ ) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg para cinco repetições do Tipo I de Simulação.

Ciclos	Simulações do Tipo I								
	1	2	3	4	5	10	15	20	25
<b>N RI</b>	1557	2362	3390	4401	5308	6721	6842	6876	6869
<b>N RII</b>	1587	2480	3507	4541	5411	6764	6775	6880	6934
<b>N RIII</b>	1546	2375	3384	4367	5238	6732	6826	6810	6849
<b>N RIV</b>	1573	2420	3425	4464	5296	6661	6848	6848	6873
<b>N RV</b>	1575	2408	3429	4466	5318	6758	6841	6762	6842
<b>Alelo p RI</b>	0,492	0,498	0,500	0,498	0,494	0,510	0,499	0,477	0,441
<b>pp RI</b>	0,245	0,255	0,262	0,244	0,242	0,262	0,249	0,233	0,201
<b>pq RI</b>	0,493	0,486	0,475	0,508	0,503	0,495	0,500	0,488	0,481
<b>qq RI</b>	0,262	0,259	0,263	0,248	0,255	0,243	0,251	0,279	0,319
<b><math>\chi^2</math> RI</b>	0,329	1,956	8,326	1,085	0,164	0,633	0,002	3,167	4,403
<b>Alelo p RII</b>	0,502	0,515	0,518	0,525	0,536	0,534	0,547	0,539	0,568
<b>pp RII</b>	0,260	0,261	0,267	0,276	0,289	0,286	0,301	0,288	0,327
<b>pq RII</b>	0,483	0,508	0,501	0,498	0,493	0,495	0,491	0,503	0,482
<b>qq RII</b>	0,256	0,231	0,232	0,226	0,218	0,219	0,208	0,209	0,191
<b><math>\chi^2</math> RII</b>	1,769	0,653	0,040	0,013	0,431	0,288	0,533	0,907	2,131
<b>Alelo p RIII</b>	0,494	0,506	0,505	0,510	0,502	0,477	0,470	0,447	0,455
<b>pp RIII</b>	0,248	0,248	0,248	0,262	0,251	0,230	0,220	0,199	0,210
<b>pq RIII</b>	0,493	0,516	0,514	0,496	0,501	0,496	0,500	0,496	0,490
<b>qq RIII</b>	0,259	0,236	0,238	0,242	0,247	0,275	0,281	0,305	0,299
<b><math>\chi^2</math> RIII</b>	0,308	2,395	2,520	0,285	0,038	0,321	0,060	0,062	0,870
<b>Alelo p RIV</b>	0,502	0,505	0,506	0,506	0,512	0,519	0,527	0,528	0,530
<b>pp RIV</b>	0,252	0,242	0,251	0,255	0,265	0,272	0,284	0,291	0,306
<b>pq RIV</b>	0,500	0,526	0,509	0,502	0,494	0,493	0,486	0,474	0,447
<b>qq RIV</b>	0,249	0,232	0,239	0,242	0,241	0,235	0,230	0,235	0,247
<b><math>\chi^2</math> RIV</b>	0,003	6,589	1,252	0,105	0,661	1,173	4,388	16,857	74,045
<b>Alelo p RV</b>	0,493	0,500	0,501	0,492	0,500	0,511	0,530	0,551	0,549
<b>pp RV</b>	0,243	0,259	0,249	0,243	0,247	0,259	0,284	0,302	0,299
<b>pq RV</b>	0,500	0,482	0,504	0,499	0,507	0,504	0,492	0,498	0,500
<b>qq RV</b>	0,257	0,259	0,246	0,258	0,246	0,236	0,224	0,200	0,201
<b><math>\chi^2</math> RV</b>	0,002	3,072	0,251	0,013	0,984	0,569	0,946	0,293	0,690

Em vermelho valores significativos ( $p < 5\%$ ).

**Tabela 5.7.** Tamanho da população (N), frequências alélicas (p) e genotípicas (pp, pq e qq) e valores de  $\chi^2$  ( $_{GL = 1}$ ) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg para cinco repetições do Tipo II de Simulação.

Ciclos	Simulações do Tipo II								
	1	2	3	4	5	10	15	20	25
N RI	1575	2441	3507	4568	5387	6766	6850	6817	6862
N RII	1566	2368	3460	4474	5285	6733	6820	6918	6885
N RIII	1592	2464	3482	4515	5321	6712	6822	6780	6749
N RIV	1553	2380	3395	4396	5261	6814	6825	6837	6815
N RV	1579	2446	3481	4514	5383	6742	6884	6839	6768
Alelo p RI	0,056	0,056	0,056	0,062	0,059	0,051	0,042	0,024	0,016
pp RI	0,003	0,005	0,004	0,004	0,004	0,003	0,002	0,001	0,001
pq RI	0,106	0,102	0,104	0,115	0,110	0,096	0,080	0,045	0,031
qq RI	0,891	0,893	0,893	0,881	0,886	0,901	0,919	0,953	0,968
$\chi^2$ RI	0,002	2,875	0,496	0,199	0,286	0,169	0,077	4,505	6,032
Alelo p RII	0,048	0,045	0,046	0,045	0,042	0,034	0,017	0,008	0,002
pp RII	0,004	0,002	0,003	0,003	0,002	0,002	0,000	0,000	0,000
pq RII	0,088	0,086	0,086	0,084	0,080	0,064	0,033	0,015	0,004
qq RII	0,908	0,913	0,911	0,913	0,918	0,935	0,967	0,985	0,996
$\chi^2$ RII	1,774	0,134	2,048	2,936	0,095	2,761	0,647	1,129	0,253
Alelo p RIII	0,047	0,042	0,042	0,039	0,039	0,037	0,037	0,037	0,028
pp RIII	0,003	0,001	0,003	0,002	0,002	0,002	0,001	0,001	0,001
pq RIII	0,090	0,082	0,077	0,075	0,074	0,070	0,071	0,072	0,055
qq RIII	0,908	0,918	0,920	0,923	0,924	0,927	0,928	0,927	0,944
$\chi^2$ RIII	0,068	1,304	6,131	0,664	1,081	5,161	0,015	0,089	0,554
Alelo p RIV	0,050	0,052	0,050	0,045	0,040	0,025	0,018	0,015	0,019
pp RIV	0,001	0,005	0,002	0,002	0,003	0,001	0,001	0,001	0,001
pq RIV	0,099	0,093	0,095	0,086	0,074	0,048	0,034	0,029	0,037
qq RIV	0,901	0,902	0,903	0,912	0,923	0,951	0,966	0,971	0,962
$\chi^2$ RIV	2,347	7,513	0,267	0,015	9,484	1,846	1,896	4,066	0,968
Alelo p RV	0,056	0,055	0,055	0,054	0,060	0,052	0,068	0,075	0,082
pp RV	0,006	0,004	0,005	0,002	0,003	0,002	0,008	0,008	0,010
pq RV	0,099	0,101	0,100	0,103	0,115	0,100	0,119	0,133	0,144
qq RV	0,894	0,894	0,895	0,895	0,882	0,898	0,873	0,859	0,846
$\chi^2$ RV	1,756	1,910	3,315	0,373	0,756	1,182	21,522	9,662	11,125

Em vermelho valores significativos ( $p < 5\%$ ).

**Tabela 5.8.** Tamanho da população (N), frequências alélicas (p) e genotípicas (pp, pq e qq) e valores de  $\chi^2$  (GL = 1) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg para o Tipo III de Simulação.

Ciclos	Simulações do Tipo III								
	1	2	3	4	5	10	15	20	25
<b>N RI</b>	1815	3300	5845	10111	16655	57008	64897	65173	65249
<b>Alelo p RI</b>	0,505	0,504	0,506	0,507	0,511	0,524	0,525	0,525	0,517
<b>pp RI</b>	0,252	0,254	0,253	0,258	0,261	0,274	0,276	0,278	0,268
<b>pq RI</b>	0,506	0,501	0,506	0,497	0,500	0,500	0,499	0,494	0,499
<b>qq RI</b>	0,242	0,245	0,241	0,245	0,239	0,226	0,225	0,228	0,233
<b><math>\chi^2</math> RI</b>	0,248	0,012	0,742	0,397	0,014	0,257	0,057	5,572	0,092

Em vermelho valores significativos ( $p < 5\%$ ).

**Tabela 5.9.** Tamanho da população (N), frequências alélicas (p) e genotípicas (pp, pq e qq) e valores de  $\chi^2$  ( $_{GL = 1}$ ) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg para cinco repetições do Tipo IV de Simulação.

Ciclos	Simulações do Tipo IV								
	1	2	3	4	5	10	15	20	25
<b>N RI</b>	1212	1375	1531	1634	1662	1878	1836	1853	1851
<b>N RII</b>	1230	1411	1577	1668	1705	1842	1853	1826	1841
<b>N RIII</b>	1218	1397	1551	1674	1743	1820	1875	1858	1809
<b>N RIV</b>	1230	1406	1612	1680	1733	1816	1827	1838	1839
<b>N RV</b>	1209	1405	1559	1679	1734	1794	1809	1836	1823
<b>Alelo p RI</b>	0,505	0,497	0,493	0,466	0,470	0,453	0,418	0,454	0,494
<b>pp RI</b>	0,259	0,248	0,252	0,213	0,218	0,204	0,185	0,227	0,252
<b>pq RI</b>	0,493	0,497	0,482	0,507	0,502	0,497	0,466	0,454	0,484
<b>qq RI</b>	0,248	0,255	0,266	0,280	0,279	0,298	0,349	0,319	0,265
<b><math>\chi^2</math> RI</b>	0,265	0,036	1,956	0,536	0,123	0,023	3,235	12,887	1,994
<b>Alelo p RII</b>	0,511	0,503	0,510	0,513	0,514	0,515	0,480	0,401	0,357
<b>pp RII</b>	0,267	0,247	0,274	0,272	0,276	0,275	0,235	0,177	0,131
<b>pq RII</b>	0,486	0,513	0,472	0,483	0,476	0,479	0,489	0,447	0,452
<b>qq RII</b>	0,246	0,240	0,254	0,245	0,248	0,245	0,276	0,376	0,417
<b><math>\chi^2</math> RII</b>	0,912	0,974	4,732	1,806	3,916	3,007	0,781	8,864	0,441
<b>Alelo p RIII</b>	0,494	0,486	0,485	0,473	0,474	0,472	0,457	0,471	0,438
<b>pp RIII</b>	0,251	0,238	0,234	0,223	0,224	0,230	0,211	0,229	0,211
<b>pq RIII</b>	0,486	0,496	0,502	0,501	0,499	0,484	0,492	0,484	0,453
<b>qq RIII</b>	0,263	0,266	0,264	0,277	0,277	0,286	0,297	0,287	0,336
<b><math>\chi^2</math> RIII</b>	0,941	0,073	0,046	0,028	0,002	1,519	0,160	1,450	11,339
<b>Alelo p RIV</b>	0,488	0,495	0,494	0,478	0,484	0,527	0,564	0,594	0,577
<b>pp RIV</b>	0,225	0,245	0,239	0,243	0,249	0,285	0,323	0,351	0,337
<b>pq RIV</b>	0,526	0,501	0,511	0,471	0,470	0,485	0,481	0,485	0,480
<b>qq RIV</b>	0,249	0,254	0,251	0,286	0,280	0,230	0,196	0,163	0,183
<b><math>\chi^2</math> RIV</b>	3,406	0,014	0,727	5,374	5,938	1,309	0,965	0,073	0,564
<b>Alelo p RV</b>	0,498	0,493	0,493	0,487	0,495	0,486	0,501	0,517	0,530
<b>pp RV</b>	0,240	0,248	0,257	0,248	0,240	0,244	0,268	0,277	0,296
<b>pq RV</b>	0,516	0,490	0,471	0,479	0,510	0,485	0,468	0,479	0,467
<b>qq RV</b>	0,244	0,262	0,271	0,273	0,250	0,271	0,265	0,243	0,236
<b><math>\chi^2</math> RV</b>	1,259	0,508	5,047	2,914	0,675	1,545	7,568	2,982	6,991

Em vermelho valores significativos ( $p < 5\%$ ).

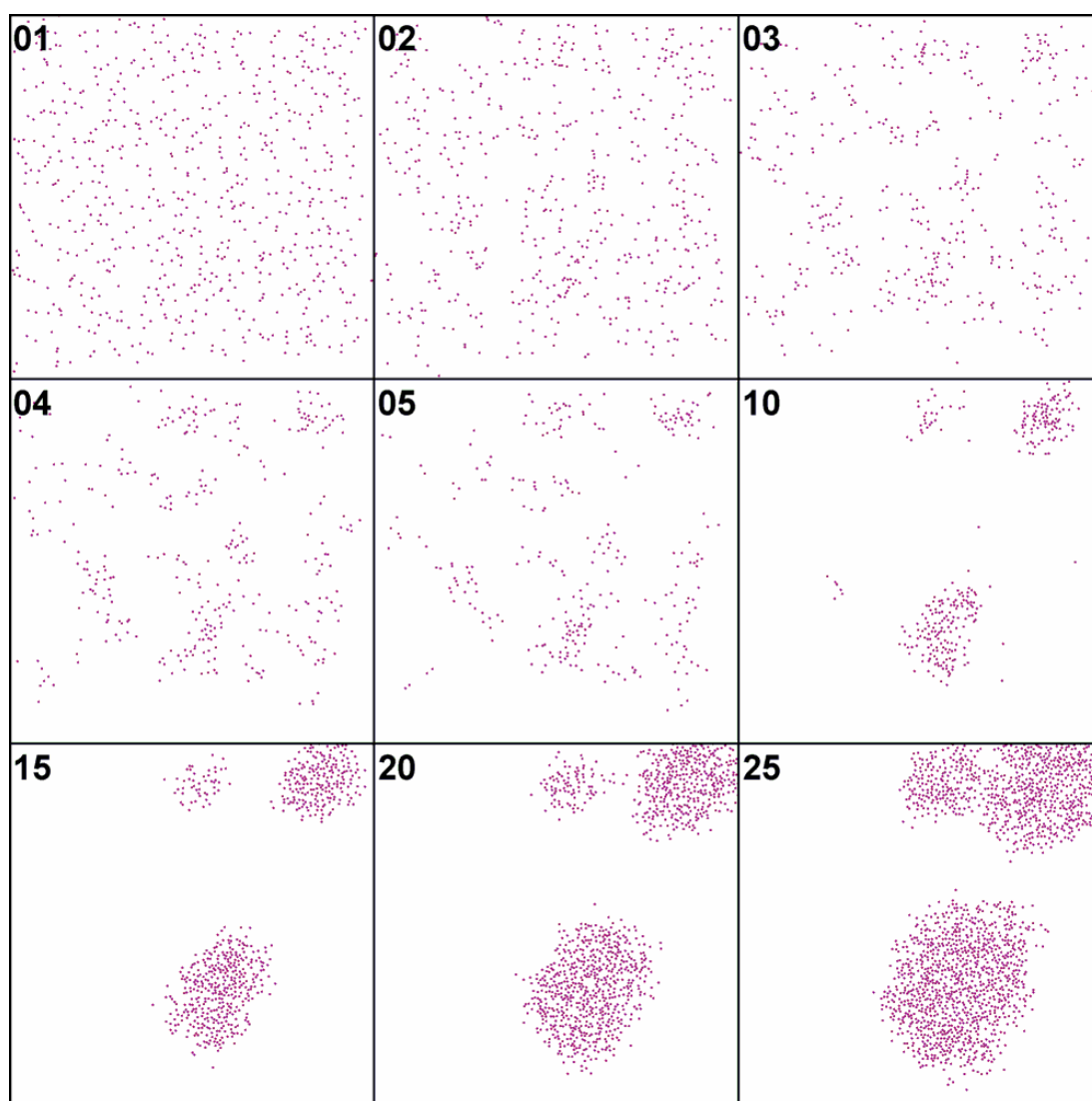


**Tabela 5.10.** Tamanho da população (N), freqüências alélicas (p) e genótípicas (pp, pq e qq) e valores de  $\chi^2$  (GL = 1) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg para o Tipo V de Simulação.

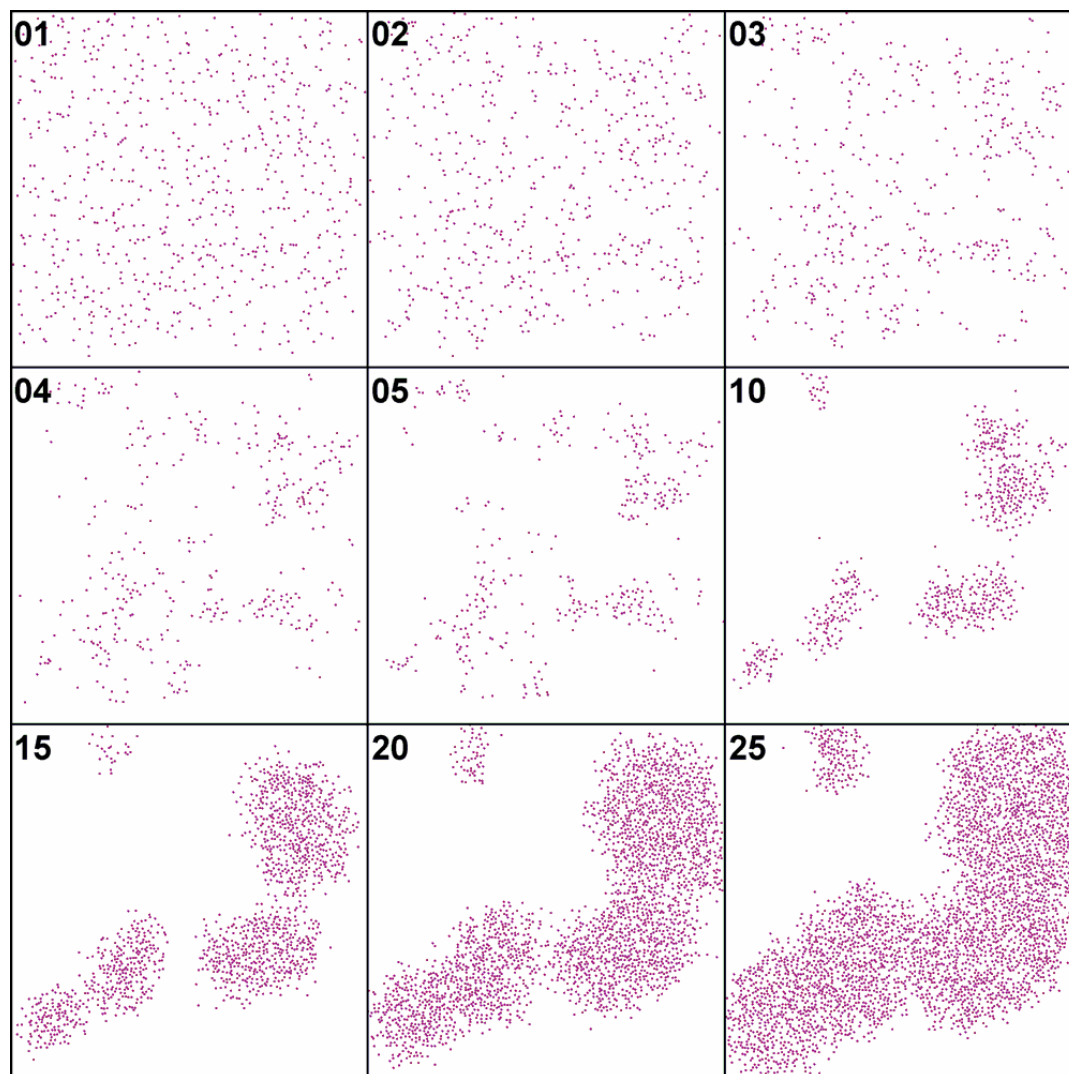
Ciclos	Simulações do Tipo V								
	1	2	3	4	5	10	15	20	25
<b>N RI</b>	667	523	410	335	289	289	629	1074	1725
<b>N RII</b>	689	570	457	377	355	612	1363	2448	3544
<b>N RIII</b>	707	583	510	460	446	804	1828	3242	4730
<b>N RIV</b>	697	570	464	394	353	570	1219	2204	3431
<b>N RV</b>	704	604	529	498	488	775	1523	2375	3267
<b>Alelo p RI</b>	0,490	0,497	0,463	0,460	0,472	0,540	0,536	0,572	0,604
<b>pp RI</b>	0,229	0,245	0,234	0,248	0,263	0,332	0,335	0,377	0,420
<b>pq RI</b>	0,522	0,505	0,459	0,424	0,419	0,415	0,401	0,389	0,368
<b>qq RI</b>	0,249	0,250	0,307	0,328	0,318	0,253	0,264	0,234	0,212
<b><math>\chi^2</math> RI</b>	1,284	0,048	2,495	7,208	7,405	7,798	23,825	45,267	92,556
<b>Alelo p RII</b>	0,496	0,533	0,535	0,542	0,514	0,590	0,639	0,700	0,716
<b>pp RII</b>	0,255	0,284	0,317	0,308	0,310	0,400	0,448	0,534	0,559
<b>pq RII</b>	0,480	0,498	0,435	0,469	0,408	0,379	0,382	0,332	0,314
<b>qq RII</b>	0,264	0,218	0,247	0,223	0,282	0,221	0,169	0,134	0,127
<b><math>\chi^2</math> RII</b>	1,055	0,001	7,119	1,108	11,817	28,697	39,857	106,491	184,520
<b>Alelo p RIII</b>	0,531	0,514	0,518	0,548	0,572	0,639	0,620	0,606	0,619
<b>pp RIII</b>	0,284	0,266	0,284	0,330	0,381	0,488	0,481	0,480	0,491
<b>pq RIII</b>	0,494	0,496	0,467	0,435	0,381	0,303	0,277	0,252	0,256
<b>qq RIII</b>	0,222	0,238	0,249	0,235	0,238	0,209	0,242	0,268	0,253
<b><math>\chi^2</math> RIII</b>	0,056	0,036	2,189	6,893	21,916	93,947	310,101	720,830	989,076
<b>Alelo p RIV</b>	0,508	0,519	0,527	0,529	0,499	0,404	0,415	0,398	0,367
<b>pp RIV</b>	0,254	0,247	0,300	0,294	0,280	0,211	0,210	0,193	0,174
<b>pq RIV</b>	0,508	0,544	0,455	0,470	0,436	0,388	0,409	0,409	0,385
<b>qq RIV</b>	0,238	0,209	0,246	0,236	0,283	0,402	0,381	0,397	0,440
<b><math>\chi^2</math> RIV</b>	0,179	4,550	3,583	1,312	5,736	21,717	29,937	46,898	99,907
<b>Alelo p RV</b>	0,512	0,509	0,502	0,487	0,473	0,438	0,427	0,387	0,363
<b>pp RV</b>	0,260	0,270	0,291	0,267	0,246	0,205	0,212	0,195	0,181
<b>pq RV</b>	0,504	0,478	0,422	0,440	0,455	0,466	0,431	0,383	0,363
<b>qq RV</b>	0,236	0,252	0,287	0,293	0,299	0,329	0,357	0,422	0,456
<b><math>\chi^2</math> RV</b>	0,058	1,103	13,021	7,157	3,744	2,249	21,950	88,535	150,576

Em vermelho valores significativos ( $p < 5\%$ ).

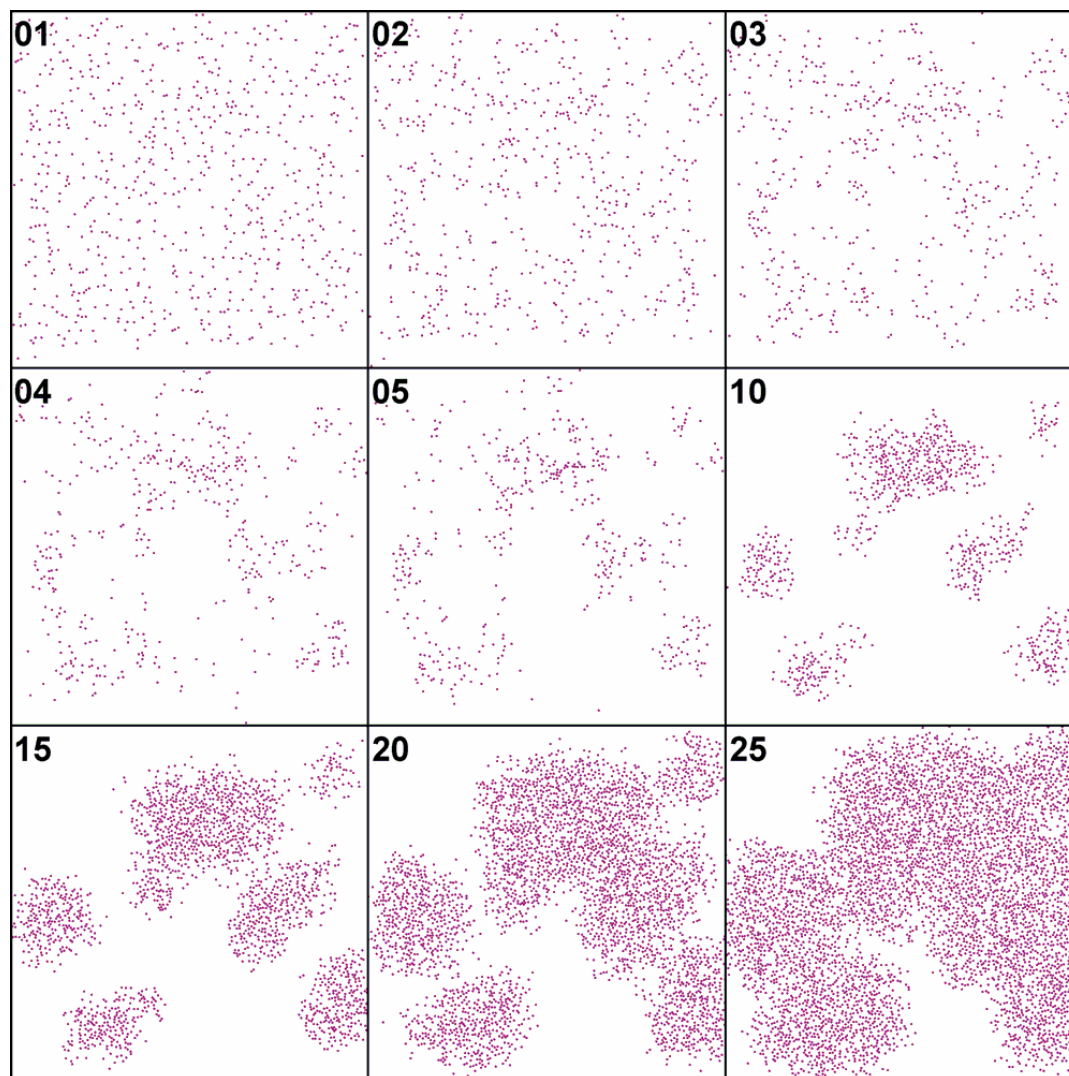
Os Tipos I, II, III de Simulação são caracterizados por ventos mais fortes e que distribuem mais homogeneamente os grãos de pólen e as sementes em toda a área de simulação. O Tipo V tem ventos fracos que fazem com que o pólen e as sementes fiquem mais próximos dos seus pontos de origem, podendo levar à formação de sub-populações (Figuras 5.24, 5.25, 5.26, 5.27, 5.28 e 5.29). Essas sub-populações formam grupos isolados reprodutivamente, pois o vento fraco não carrega grãos de pólen ou sementes a distâncias grandes o suficiente para gerar fluxo gênico. Desse modo, nas cinco repetições de simulações do Tipo V (com ventos fracos) a população sai do Equilíbrio de Hardy-Weinberg em decorrência de endogamia, levando a uma diminuição na frequência de heterozigotos e ao conseqüente aumento de homozigotos (Tabela 5.11 e Figura 5.29).



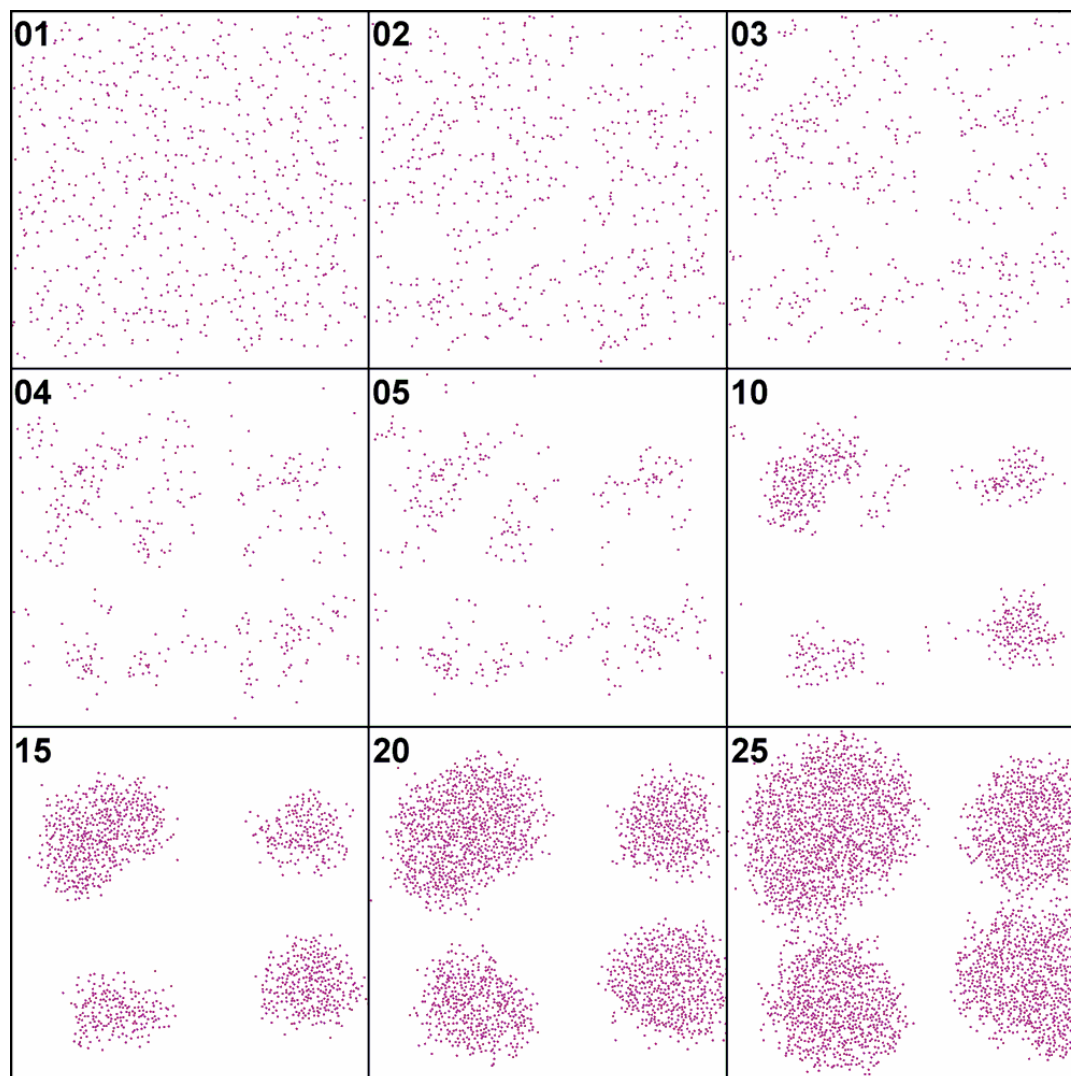
**Figura 5.24.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição I (RI) do Tipo V de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.



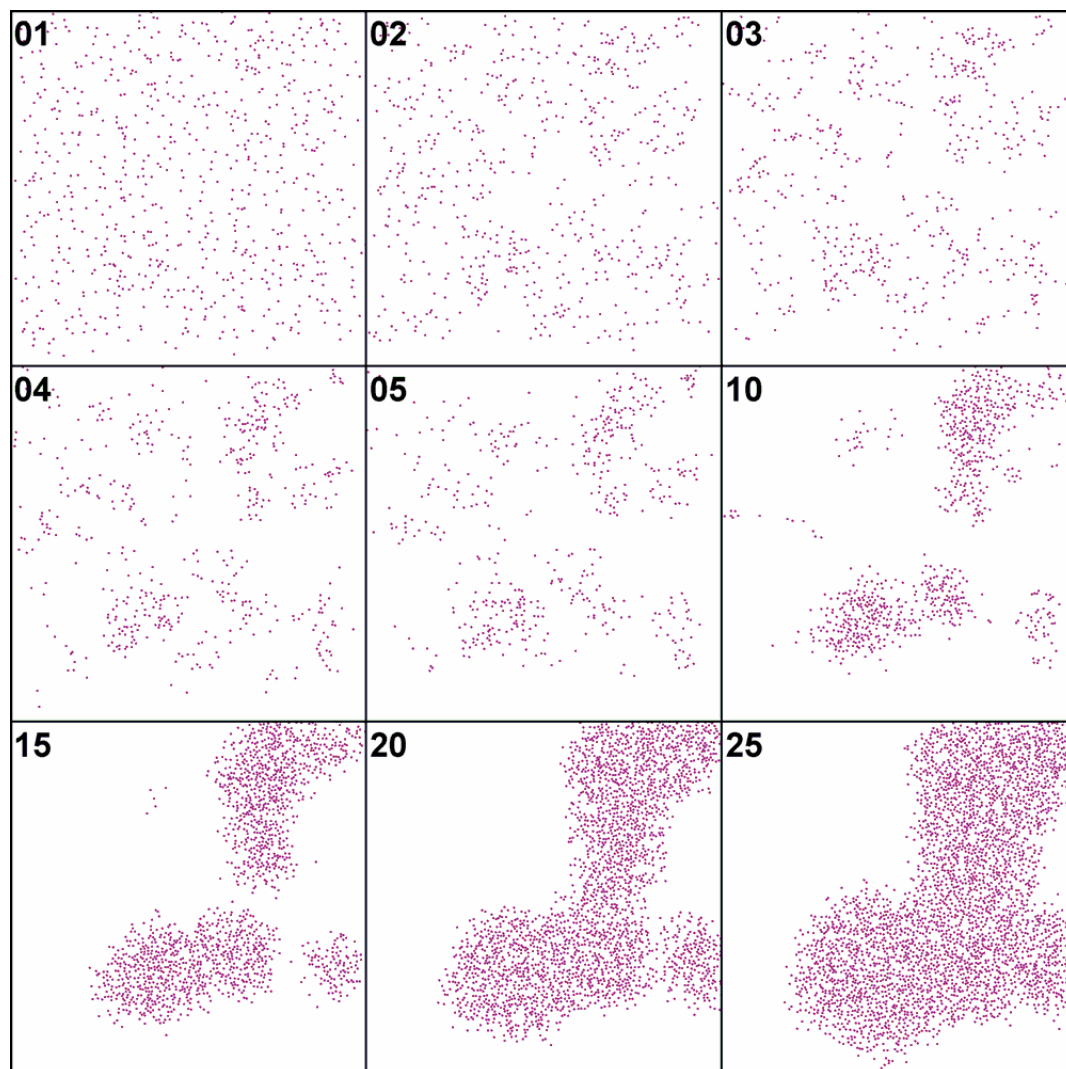
**Figura 5.25.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição II (RII) do Tipo V de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.



**Figura 5.26.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição III (RIII) do Tipo V de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.



**Figura 5.27.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição IV (RIV) do Tipo V de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.



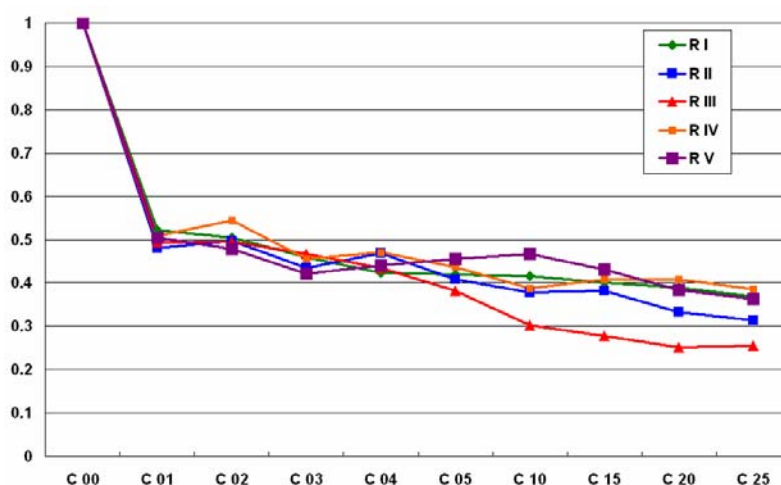
**Figura 5.28.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição V (RV) do Tipo V de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.



**Tabela 5.11.** Frequências esperadas e observadas de heterozigotos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo V de Simulação.

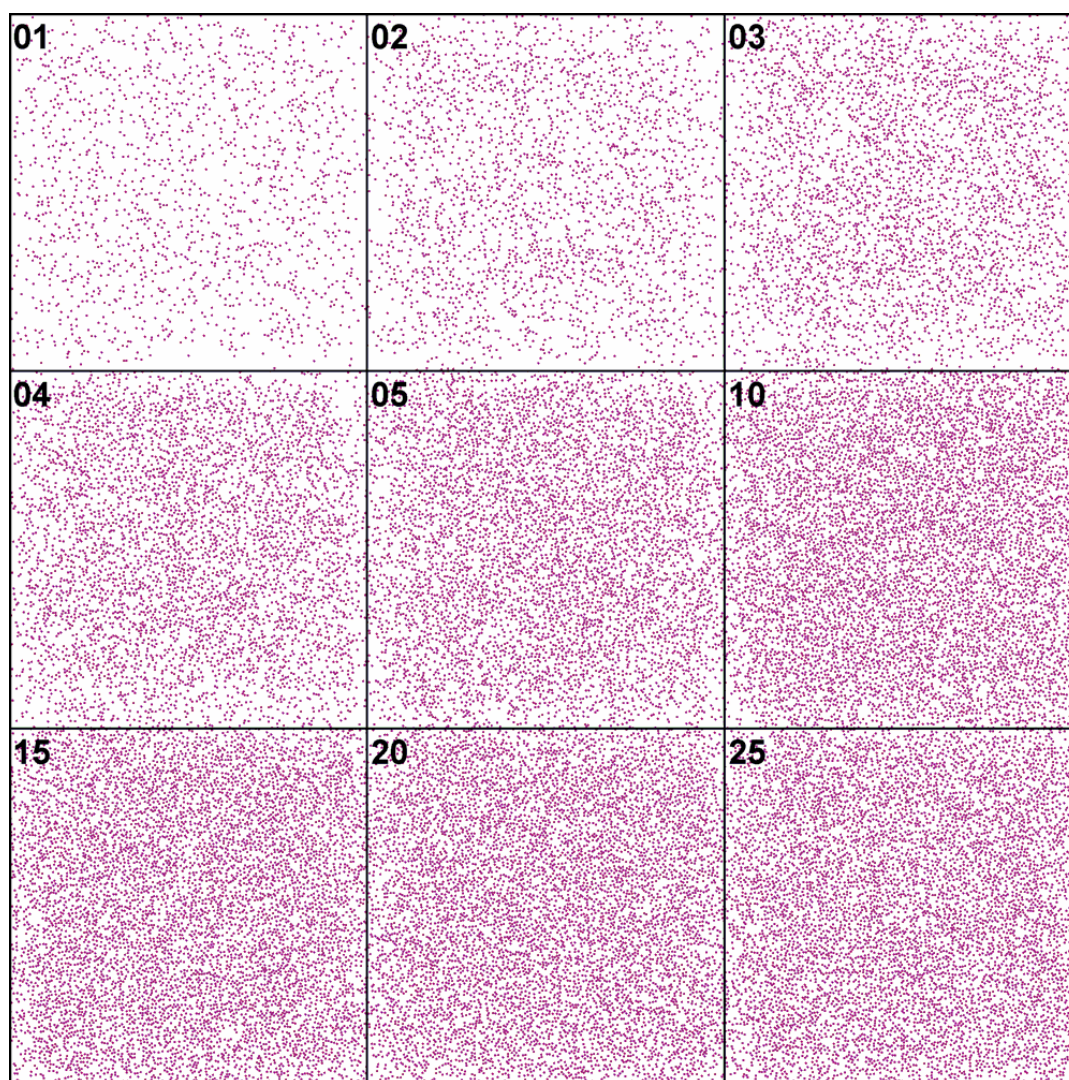
2pq <sup>1</sup>	Ciclos								
	1	2	3	4	5	10	15	20	25
<b>NORI</b>	348,000	264,000	188,000	142,000	121,000	120,000	252,000	418,000	634,000
<b>NERI</b>	333,367	261,491	203,877	166,428	144,047	143,575	312,870	525,865	825,185
<b>FRORI</b>	0,522	0,505	0,459	0,424	0,419	0,415	0,401	0,389	0,368
<b>FRERI</b>	0,500	0,500	0,497	0,497	0,498	0,497	0,497	0,490	0,478
<b>NORII</b>	331,000	284,000	199,000	177,000	145,000	232,000	521,000	813,000	1112,000
<b>NERII</b>	344,478	283,759	227,380	187,170	177,361	296,086	628,831	1028,160	1441,302
<b>FRORII</b>	0,480	0,498	0,435	0,469	0,408	0,379	0,382	0,332	0,314
<b>FRERII</b>	0,500	0,498	0,498	0,496	0,500	0,484	0,461	0,420	0,407
<b>NORIII</b>	349,000	289,000	238,000	200,000	170,000	244,000	507,000	818,000	1211,000
<b>NERIII</b>	352,141	291,271	254,670	227,880	218,376	370,932	861,354	1548,146	2231,037
<b>FRORIII</b>	0,494	0,496	0,467	0,435	0,381	0,303	0,277	0,252	0,256
<b>FRERIII</b>	0,498	0,500	0,499	0,495	0,490	0,461	0,471	0,478	0,472
<b>NORIV</b>	354,000	310,000	211,000	185,000	154,000	221,000	499,000	902,000	1322,000
<b>NERIV</b>	348,411	284,588	231,323	196,337	176,499	274,494	591,885	1056,139	1594,118
<b>FRORIV</b>	0,508	0,544	0,455	0,470	0,436	0,388	0,409	0,409	0,385
<b>FRERIV</b>	0,500	0,499	0,499	0,498	0,500	0,482	0,486	0,479	0,465
<b>NORV</b>	355,000	289,000	223,000	219,000	222,000	361,000	656,000	909,000	1186,000
<b>NERV</b>	351,797	301,902	264,496	248,832	243,288	381,542	745,268	1126,847	1510,863
<b>FRORV</b>	0,504	0,478	0,422	0,440	0,455	0,466	0,431	0,383	0,363
<b>FRERV</b>	0,500	0,500	0,500	0,500	0,499	0,492	0,489	0,474	0,462

<sup>1</sup> NO = Número Observado; NE = Número esperado; FRO = Frequência Relativa Observada; FRE = Frequência Relativa Esperada.



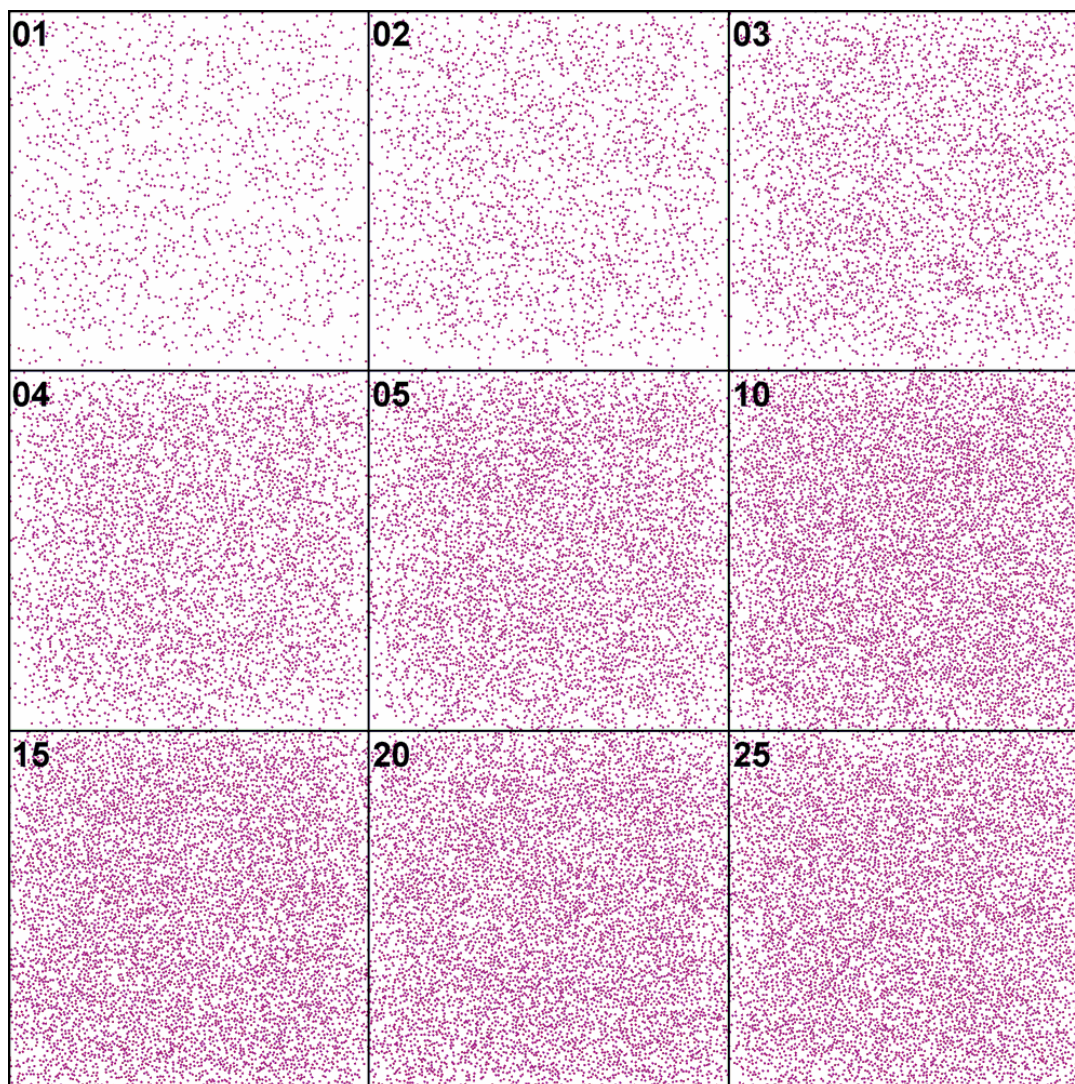
**Figura 5.29.** Frequências observadas de heterozigotos nos ciclos 0, 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo V de Simulação.

Como já discutido anteriormente, os Tipos I, II, III e IV de Simulação têm ventos relativamente fortes e a distribuição dos indivíduos na área de simulação é mais homogênea, não ocorrendo a formação de sub-populações (Figuras 5.30, 5.31, 5.32 e 5.33 respectivamente). Nas Tabelas 5.12, 5.13, 5.14 e 5.15 é possível observar as frequências esperadas e observadas de heterozigotos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 nas cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) dos Tipos I, II, III e IV de Simulação, respectivamente. As Figuras 5.34, 5.35, 5.36 e 5.37 as frequências observadas de heterozigotos nos ciclos 0, 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) dos Tipos , I, II, III e IV de Simulação, respectivamente.

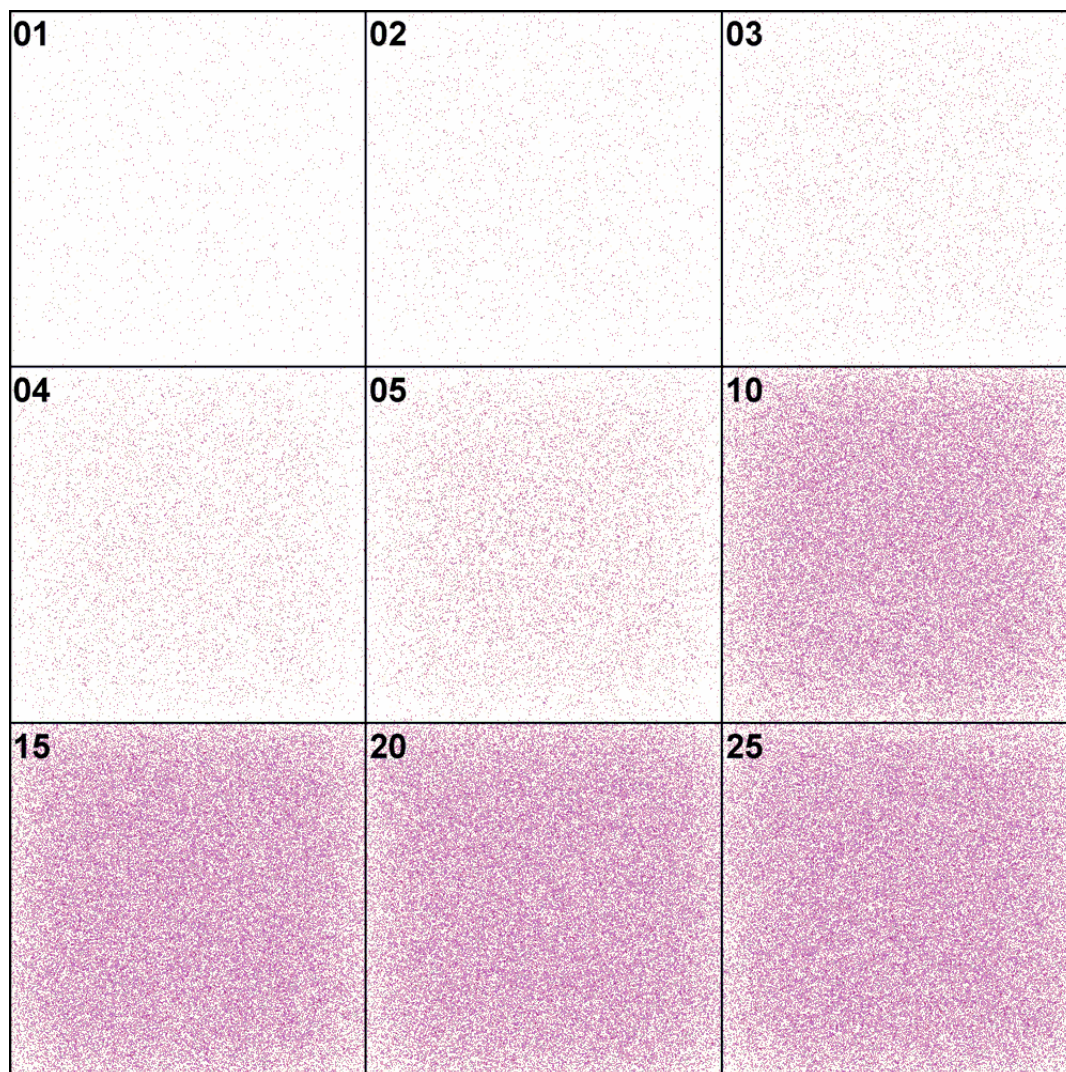


**Figura 5.30.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição I (RI) do Tipo I de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.



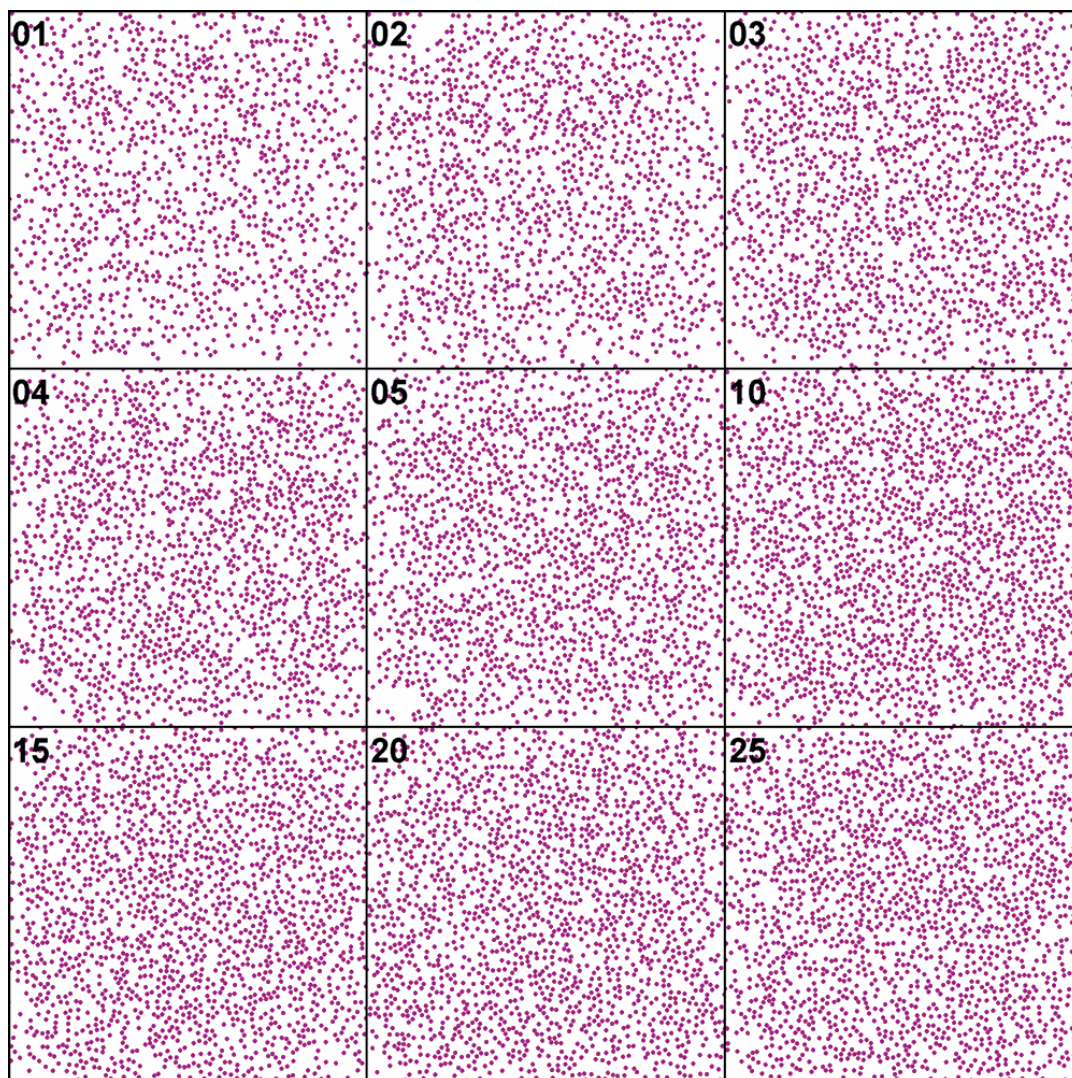


**Figura 5.31.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição I (RI) do Tipo II de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.



**Figura 5.32.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 do Tipo III de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.





**Figura 5.33.** Representação gráfica da dispersão de indivíduos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 da Repetição I (RI) do Tipo IV de Simulação. Cada ponto representa a área de ocupação de um indivíduo.

**Tabela 5.12.** Frequências esperadas e observadas de heterozigotos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo I de Simulação.

Heterozigotos	Ciclos								
	1	2	3	4	5	10	15	20	25
<b>NORI</b>	767,000	1147,000	1611,000	2235,000	2668,000	3327,000	3419,000	3357,000	3301,000
<b>NERI</b>	778,301	1180,981	1695,000	2200,465	2653,618	3359,156	3420,986	3430,725	3386,678
<b>%ORI</b>	0,493	0,486	0,475	0,508	0,503	0,495	0,500	0,488	0,481
<b>%ERI</b>	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,499	0,493
<b>NORII</b>	767,000	1259,000	1757,000	2262,000	2668,000	3345,000	3328,000	3458,000	3344,000
<b>NERII</b>	793,487	1238,884	1751,227	2264,824	2691,475	3366,362	3357,568	3419,071	3402,874
<b>%ORII</b>	0,483	0,508	0,501	0,498	0,493	0,495	0,491	0,503	0,482
<b>%ERII</b>	0,500	0,500	0,499	0,499	0,497	0,498	0,496	0,497	0,491
<b>NORIII</b>	762,000	1225,000	1738,000	2165,000	2626,000	3336,000	3410,000	3376,000	3359,000
<b>NERIII</b>	772,889	1187,329	1691,831	2182,627	2618,958	3358,878	3400,713	3366,741	3396,762
<b>%ORIII</b>	0,493	0,516	0,514	0,496	0,501	0,496	0,500	0,496	0,490
<b>%ERIII</b>	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,499	0,498	0,494	0,496
<b>NORIV</b>	786,000	1273,000	1745,000	2242,000	2617,000	3282,000	3328,000	3244,000	3069,000
<b>NERIV</b>	786,487	1209,879	1712,253	2231,679	2646,475	3325,691	3414,016	3413,262	3424,129
<b>%ORIV</b>	0,500	0,526	0,509	0,502	0,494	0,493	0,486	0,474	0,447
<b>%ERIV</b>	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,499	0,499	0,498	0,498
<b>NORV</b>	788,000	1161,000	1729,000	2229,000	2695,000	3408,000	3368,000	3367,000	3422,000
<b>NERV</b>	787,346	1204,000	1714,493	2232,428	2659,000	3377,365	3408,186	3345,824	3388,145
<b>%ORV</b>	0,500	0,482	0,504	0,499	0,507	0,504	0,492	0,498	0,500
<b>%ERV</b>	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,498	0,495	0,495

**Tabela 5.13.** Frequências esperadas e observadas de heterozigotos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo II de Simulação.

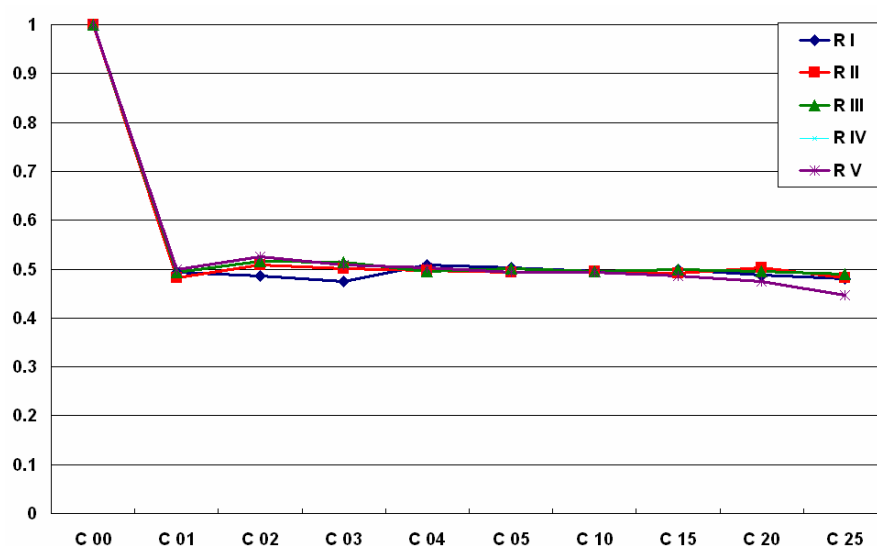
Heterozigotos	Ciclos								
	1	2	3	4	5	10	15	20	25
<b>NORI</b>	167,000	248,000	364,000	525,000	595,000	649,000	545,000	310,000	213,000
<b>NERI</b>	166,522	258,082	370,788	531,313	598,162	654,935	551,233	319,363	216,071
<b>%ORI</b>	0,106	0,102	0,104	0,115	0,110	0,096	0,080	0,045	0,031
<b>%ERI</b>	0,106	0,106	0,106	0,116	0,111	0,097	0,080	0,047	0,031
<b>NORII</b>	138,000	203,000	296,000	375,000	421,000	428,000	223,000	103,000	25,000
<b>NERII</b>	143,120	203,530	303,677	384,540	425,295	442,277	227,938	109,802	27,485
<b>%ORII</b>	0,088	0,086	0,086	0,084	0,080	0,064	0,033	0,015	0,004
<b>%ERII</b>	0,091	0,086	0,088	0,086	0,080	0,066	0,033	0,016	0,004
<b>NORIII</b>	143,000	201,000	268,000	338,000	395,000	471,000	485,000	487,000	368,000
<b>NERIII</b>	142,615	198,283	280,204	338,435	398,852	478,311	486,149	483,156	367,362
<b>%ORIII</b>	0,090	0,082	0,077	0,075	0,074	0,070	0,071	0,072	0,055
<b>%ERIII</b>	0,090	0,080	0,080	0,075	0,075	0,071	0,071	0,071	0,054
<b>NORIV</b>	153,000	221,000	324,000	380,000	387,000	327,000	231,000	197,000	255,000
<b>NERIV</b>	147,535	234,649	322,525	377,836	404,045	332,183	241,277	202,033	254,050
<b>%ORIV</b>	0,099	0,093	0,095	0,086	0,074	0,048	0,034	0,029	0,037
<b>%ERIV</b>	0,095	0,099	0,095	0,086	0,077	0,049	0,035	0,030	0,037
<b>NORV</b>	157,000	248,000	349,000	464,000	617,000	676,000	821,000	910,000	976,000
<b>NERV</b>	166,945	254,262	361,850	461,186	607,202	664,707	872,561	948,911	1018,936
<b>%ORV</b>	0,099	0,101	0,100	0,103	0,115	0,100	0,119	0,133	0,144
<b>%ERV</b>	0,106	0,104	0,104	0,102	0,113	0,099	0,127	0,139	0,151

**Tabela 5.14.** Frequências esperadas e observadas de heterozigotos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 na Repetição RI do Tipo III de Simulação.

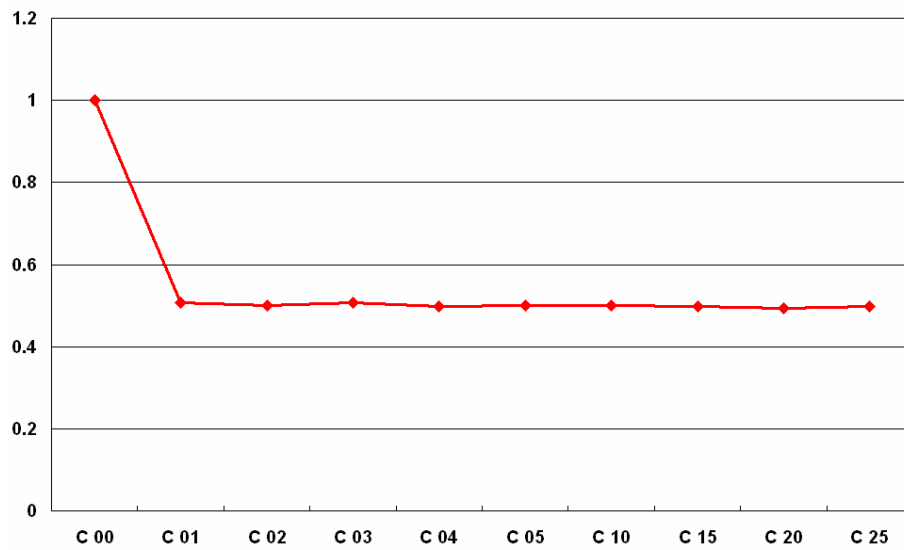
Heterozigotos	Ciclos								
	1	2	3	4	5	10	15	20	25
<b>NORI</b>	918,000	1653,000	2955,000	5023,000	8322,000	28495,000	32385,000	32207,000	32582,000
<b>NERI</b>	907,409	1649,894	2922,079	5054,509	8323,469	28438,327	32367,379	32505,034	32586,786
<b>%ORI</b>	0,506	0,501	0,506	0,497	0,500	0,500	0,499	0,494	0,499
<b>%ERI</b>	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,499	0,499	0,499	0,499

**Tabela 5.15.** Frequências esperadas e observadas de heterozigotos nos ciclos 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo IV de Simulação.

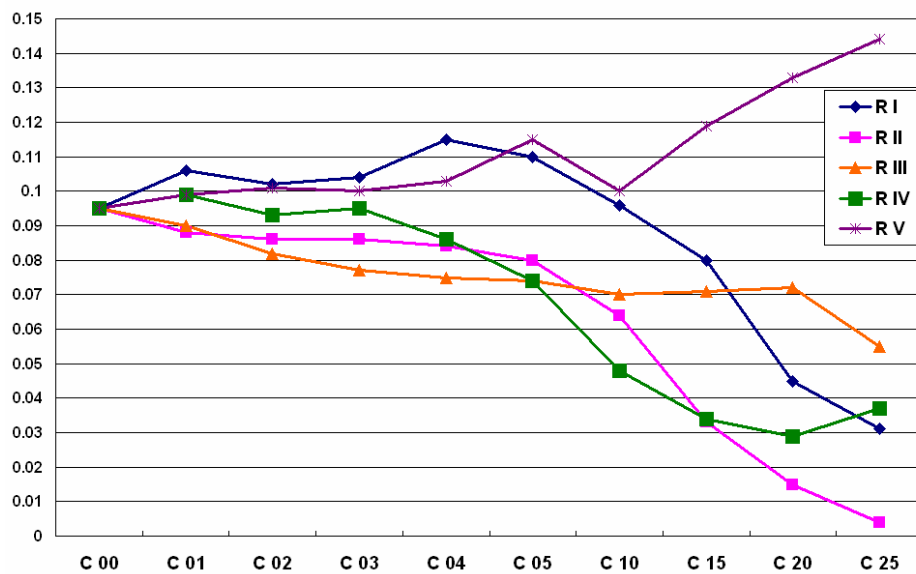
Heterozigotos	Ciclos								
	1	2	3	4	5	10	15	20	25
NORI	597,000	684,000	738,000	828,000	835,000	934,000	856,000	842,000	895,000
NERI	605,939	687,475	765,350	813,222	828,008	930,703	893,309	918,658	925,367
%ORI	0,493	0,497	0,482	0,507	0,502	0,497	0,466	0,454	0,484
%ERI	0,500	0,500	0,500	0,498	0,498	0,496	0,487	0,496	0,500
NORII	598,000	724,000	745,000	806,000	811,000	883,000	906,000	816,000	832,000
NERII	614,702	705,475	788,185	833,436	851,832	920,171	925,018	877,207	845,207
%ORII	0,486	0,513	0,472	0,483	0,476	0,479	0,489	0,447	0,452
%ERII	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,499	0,480	0,459
NORIII	592,000	693,000	779,000	838,000	869,000	881,000	922,000	900,000	820,000
NERIII	608,912	697,952	774,802	834,559	869,143	907,146	930,566	925,875	890,592
%ORIII	0,486	0,496	0,502	0,501	0,499	0,484	0,492	0,484	0,453
%ERIII	0,500	0,500	0,500	0,499	0,499	0,498	0,496	0,498	0,492
NORIV	647,000	705,000	823,000	791,000	815,000	881,000	878,000	892,000	882,000
NERIV	614,646	702,930	805,884	838,374	865,613	905,352	898,533	886,519	897,693
%ORIV	0,526	0,501	0,511	0,471	0,470	0,485	0,481	0,485	0,480
%ERIV	0,500	0,500	0,500	0,499	0,499	0,499	0,492	0,482	0,488
NORV	624,000	689,000	735,000	804,000	884,000	870,000	846,000	880,000	852,000
NERV	604,490	702,362	779,347	838,932	866,913	896,297	904,496	916,939	908,219
%ORV	0,516	0,490	0,471	0,479	0,510	0,485	0,468	0,479	0,467
%ERV	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,499	0,498



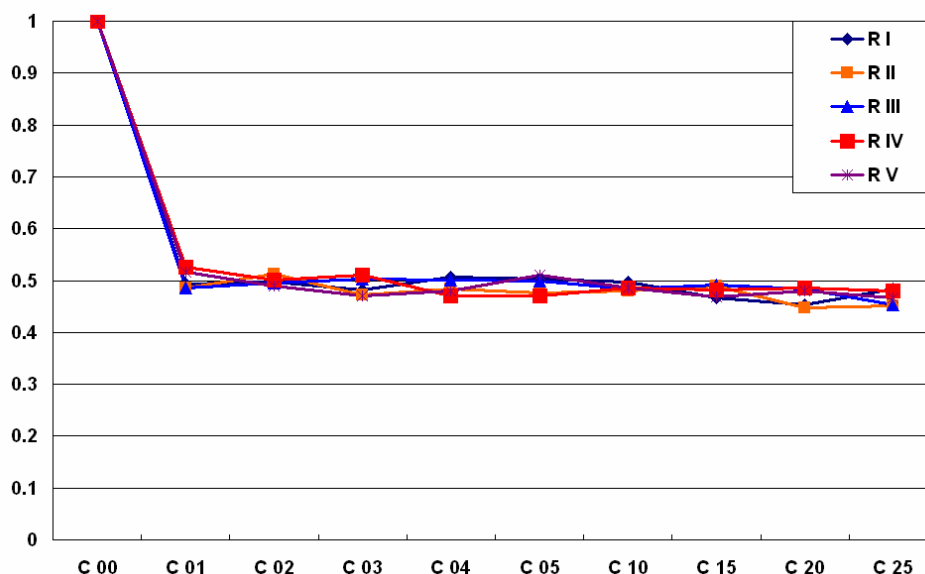
**Figura 5.34.** Frequências observadas de heterozigotos nos ciclos 0, 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo I de Simulação.



**Figura 5.35.** Frequências observadas de heterozigotos nos ciclos 0, 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo II de Simulação.



**Figura 5.36.** Frequências observadas de heterozigotos nos ciclos 0, 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 no Tipo III de Simulação.



**Figura 5.37.** Frequências observadas de heterozigotos nos ciclos 0, 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20 e 25 em cinco Repetições (RI, RII, RIII, RIV e RV) do Tipo IV de Simulação.

As Simulações dos Tipos I e IV são caracterizadas por ventos fortes e por frequências alélicas e genotípicas idênticas nos seus ciclos iniciais. A única diferença entre esses dois tipos é o raio de ocupação dos indivíduos: 3 e 6, nos Tipos I e IV, respectivamente. As Figuras 5.34 e 5.37 e as Tabelas 5.12 e 5.15 mostram que nos dois tipos de Simulação as frequências de heterozigotos se estabeleceram em torno de 0,50, de modo que a diferença no raio de ocupação não influenciou fortemente na frequência de heterozigotos. Entretanto, nos dois Tipos de Simulação as populações eventualmente saem do equilíbrio de Hardy-Weinberg (Tabelas 5.6 e 5.9). Considerando que o KURI gera populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg a partir de uma população inicial em completo desequilíbrio e que esse mesmo algoritmo é utilizado para a geração de cada ciclo, é pouco provável que esses eventuais desequilíbrios sejam originados de um erro de programação. Como, nesses dois casos, não parece haver uma perda contínua de heterozigotos em decorrência da estruturação da população em sub-populações com fluxo gênico ausente ou reduzido, uma hipótese alternativa pode ser elaborada. Esta hipótese é relacionada à disposição dos indivíduos na área de simulação. Indivíduos que ficam próximos às bordas perdem muitos dos possíveis descendentes para áreas fora da área de simulação (praticamente a metade) e indivíduos próximos aos cantos da simulação perdem ainda mais, pois três quartos de seus descendentes são perdidos (“efeito de canto”). Outro efeito que pode estar relacionado é a sequência de dispersão

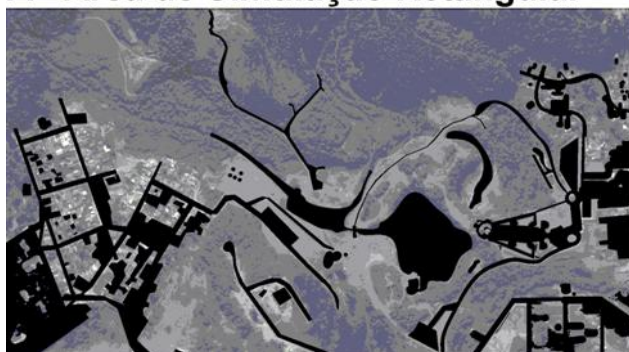


das sementes, pois as ultimas sementes a serem dispersas já encontram uma área de simulação muito mais carregada do que as primeiras, que encontram uma área disponível muito maior. Sendo assim, se a distribuição dos genótipos dos genitores não for homogênea, os genótipos das primeiras sementes dispersas terão maior probabilidade de germinação e causarão um afastamento da distribuição estatisticamente esperada. Para testar se estas são as causas destes eventuais desequilíbrios, algumas alterações serão implementadas no futuro: criação de áreas de simulação circulares para minimizar o “efeito de canto” e aleatorização da ordem de dispersão de pólen e sementes.

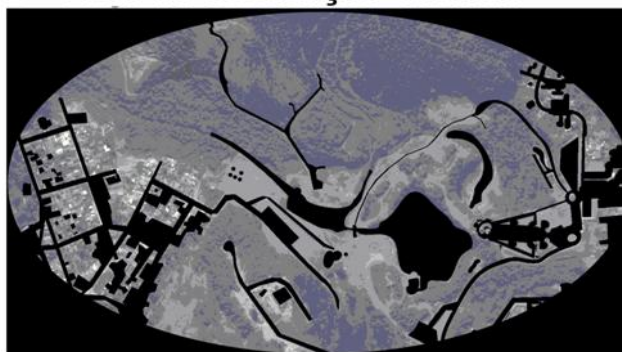
Atualmente a ordem de dispersão de pólen e de sementes é seqüencial: da primeira célula esquerda superior da grade para a última da mesma coluna, seguindo então para a primeira célula superior da coluna seguinte e assim, sucessivamente, até a célula da última coluna no canto direito inferior da grade. Considerando que este método de dispersão pode estar influenciando a constituição genotípica das populações, a aleatorização da dispersão será implementada. Será feito um sorteio (sem reposição) da célula de início da dispersão e assim, sucessivamente, até que todos os indivíduos, e suas respectivas células, tenham suas sementes e polens dispersos.

Para amenizar o “efeito de canto” o usuário pode utilizar áreas de simulação circulares, procedendo da seguinte forma: ao montar o parâmetro de áreas impossíveis desenha-se uma elipse circunscrita na imagem e pinta-se de preto toda a área externa à elipse, como pode ser observada no exemplo da Figura 5.38.

**A - Área de Simulação Retangular**



**B - Área de Simulação Circular**



**Figura 5.38.** Imagens dos parâmetros de área impossível (em preto) para área de simulação retangular em “A” e área de simulação circular em “B”.

As Simulações do Tipo II também são caracterizadas por ventos fortes, porém as frequências alélicas e genotípicas iniciais são diferentes daquelas dos Tipos I e IV que partem de uma população inicial em desequilíbrio. No Tipo II a população inicial está em

equilíbrio de Hardy-Weinberg, a frequência do alelo  $p$  é baixa (0,05) e o raio de ocupação dos indivíduos é 3 como no Tipo I. A Figura 5.35 e a Tabela 5.13 mostram que neste tipo de Simulação as frequências de heterozigotos não atingiram valores semelhantes, variando de repetição para repetição. Esta variação não é devida ao raio de ocupação, que também não influenciou na frequência de heterozigotos no Tipo I e no Tipo IV. Este Tipo II de Simulação que inicia com a frequência baixa, faz com que se acentuem os efeitos de deriva genética, fazendo com que as populações saiam do equilíbrio de Hardy-Weinberg mais frequentemente que nos Tipos I e IV e podendo levar à perda de um dos alelos e, conseqüentemente, à fixação do outro alelo. Como a frequência inicial é baixa, mesmo em situações em que o alelo dobre sua frequência ela ainda é pequena, o que faz com que a população continue a sofrer influência da deriva genética. Além da deriva, estas populações também sofrem as mesmas influências que as dos Tipos I e IV em relação à forma como o algoritmo de dispersão foi implementado. Desta forma, também será implementada a otimização do algoritmo para a aleatorização da ordem de dispersão de pólen e sementes e para amenizar o “efeito de canto” serão utilizadas áreas de simulação circulares.

Médias e variâncias do tamanho da população no ciclo 25 dos Tipos I, II, IV e V de Simulação são mostradas na Tabela 5.16. As comparações entre os Tipos I, II, IV e V de Simulação do tamanho médio e da variância (para as cinco repetições) da população no ciclo 25 são mostradas na Tabela 5.17. O Tipo III não está incluído nessa análise, pois apenas uma simulação foi realizada em decorrência do tempo necessário para simular 25 gerações. Como no Tipo III o raio de ocupação de cada indivíduo é menor (1), o tamanho da população é maior em 25 ciclos que nas demais e, conseqüentemente, o tempo para se realizar a simulação também é maior. Desse modo, no presente estudo foi realizada apenas uma Simulação do Tipo III.

**Tabela 5.16.** Médias, variâncias e coeficientes de variação do tamanho da população no ciclo 25 das Simulações dos Tipos I, II, IV e V, considerando cinco repetições para cada simulação.

Tamanho da população no ciclo 25 <sup>1</sup>	Simulações			
	Tipo I	Tipo II	Tipo IV	Tipo V
Média	6873,4	6815,8	1832,6	3339,4
Variância	1318,3	3417,7	274,8	1148889,2
CV (%) <sup>2</sup>	0,24	0,38	0,40	14,35

<sup>1</sup> Valores médios das cinco repetições. <sup>2</sup> CV% = (Erro Padrão/Média) x 100.

**Tabela 5.17.** Comparações de médias (t; p) e variâncias (F; p) do tamanho das populações no ciclo 25 entre os diferentes Tipos de Simulação.

Comparações	t; p <sup>1</sup>	F; p <sup>1</sup>
Tipo I x Tipo II	1,87; 0,098	2,590; 0,380
Tipo I x Tipo IV	282,400; 0,000	4,790; 0,160
Tipo I x Tipo V	7,370; 0,002	871,491; 0,000
Tipo II x Tipo IV	183,370; 0,000	12,440; 0,031
Tipo II x Tipo V	7,241; 0,002	336,158; 0,000
Tipo IV x Tipo V	3,143; 0,014	4180,813; 0,000

<sup>1</sup> Em vermelho valores significativos (p < 5%).

O tamanho máximo de uma população em uma Simulação sofre influência de pelo menos três fatores: o tamanho da área de simulação; o raio de ocupação; e, menos diretamente, a quantidade de sementes produzidas por indivíduo por ciclo. Mantendo-se constantes estes três fatores, o tamanho máximo da população é o mesmo como nas populações Tipo I, II, IV e V onde o raio de ocupação é de 3 pixels e maior em uma população onde o raio é menor como na população do Tipo III. A diferença entre as populações com as mesmas características para estes fatores, mas com configurações de vento diferentes como as do Tipo I e II que são iguais em relação às do Tipo IV é a quantidade de ciclos necessária para a estabilização do tamanho da população. Quanto mais “forte” o vento (menor probabilidade de manutenção da semente ou pólen na mesma célula) a estabilização da capacidade de suporte da área de simulação ocorre em uma quantidade menor de ciclos e a quantidade de ciclos necessária para esta estabilização é maior quanto mais “fraco” for o vento. Quanto maior o raio de ocupação menor será a quantidade máxima de suporte, pois a quantidade de sementes e pólen é a mesma, fazendo com que a quantidade de ciclos necessária para atingir a capacidade de suporte seja menor. Um dos efeitos de um vento “fraco” é a fragmentação de uma população em sub-populações, o que pode levar a uma situação em que indivíduos fiquem tão isolados a ponto de nenhum indivíduo ser atingido por polens de outros indivíduos. Desse modo, essa restrição de distância de alcance do pólen pode levar à extinção de toda a população por falta de reprodução.

Nas Tabelas 5.16 e 5.17 pode ser observado que os tamanhos médios e as respectivas variâncias das populações dos Tipos I e II no ciclo 25 são semelhantes, indicando que as frequências alélicas e genótípicas iniciais não interferiram no tamanho

final das populações. Quando são comparadas as médias dos Tipos I e IV ou II e IV, verifica-se que o maior raio de ocupação do Tipo IV ocasionou um tamanho populacional significativamente menor. As comparações relativas ao Tipo V de Simulação enfatizam a maior variância verificada quando o vento é relativamente fraco. Esse efeito é decorrente da eventual estruturação da população em sub-populações. Como essa estruturação populacional pode se desenvolver de diversas formas a partir de um mesmo ponto inicial, diferentes padrões podem surgir e, conseqüentemente, diferentes tamanhos populacionais. Como já argumentado anteriormente, a medida que mais ciclos forem simulados o tamanho populacional tende à capacidade máxima de suporte da área de simulação. Para confirmar essa hipótese, futuramente mais ciclos serão simulados com essas mesmas configurações iniciais.

Estas simulações são exemplos simplificados para possibilitar a análise de uma forma mais clara dos efeitos do processo de dispersão em um ambiente homogêneo. O KURI permite também observar: fluxo gênico, barreiras geográficas, flutuações do tamanho da população (*bottleneck*), efeito fundador e mutação.

## 6. CONCLUSÕES

1. O KURI permite a manipulação de alelos e genótipos de diferentes espécies que interagem em uma comunidade biológica. O usuário pode alterar parâmetros genéticos e outros parâmetros biológicos dessas espécies, alimentando o banco de dados com dados reais ou com modelos didáticos. Além dos parâmetros biológicos o usuário também pode alterar parâmetros da paisagem e verificar seus efeitos na composição genética e no tamanho das populações ao longo de uma simulação.
2. O KURI foi construído de modo a poder funcionar por uma rede de computadores (processamento distribuído), possibilitando sua implementação em computadores sem grande poder de processamento.
3. O KURI pode ser alimentado com dados reais, de modo a simular situações futuras a partir de um cenário atual, podendo auxiliar na definição de práticas adequadas de conservação e manejo de espécies, embora seja necessário desenvolver uma metodologia adequada para este tipo de aplicação.
4. A simulação de fenômenos de dispersão de pólen e germinação de sementes permite avaliar seus efeitos sobre a composição genética das populações em diferentes cenários, inclusive em casos de fragmentação de habitat.
5. Os testes preliminares, principalmente os relativos aos processos de dispersão, corroboram a teoria, porém serão necessários mais testes, inclusive utilizando dados reais, para a validação do simulador.
6. O KURI foi construído baseado em regras de fenômenos elementares de genética (segregação, recombinação, mutação, fecundação) e ecologia (mecanismos de dispersão e limitações ambientais) que parecem reproduzir os principais processos ecológicos, genéticos e populacionais de modo semelhante ao que se observa em populações naturais.

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADAMI, C. Introduction to artificial life. New York: **Springer Verlag**, 1998.

ALSTAD, D. Populus – simulations of population biology. 2001

Disponível em:

<<http://www.cbs.umn.edu/populus/index.html>>

Acesso em:

18 ago 2005.

BEDAU, M.A. Can Unrealistic Computer Models Illuminate Theoretical Biology?. **Genetic and Evolutionary Computation Conference Workshop Program**, Orlando-FL, p 20-23, 1999.

BEDAU, M.A.; MCCASKILL, J.S.; PACKARD, N.H.; RASMUSSEN, S.; ADAMI, C.; GREEN, D.G.; Ikegami, T.; KANEKO, K.; RAY, T.S. Open Problems in Artificial Life. **Massachusetts Institute of Technology Artificial Life** v.6, p. 363–376, Massachusetts, 2000.

BLACKBURN, S. Dicionário Oxford de filosofia. Zahar. Rio de Janeiro, 1997.

CANTÚ, M. Dominando o Delphi 4 "A Bíblia". **Makron Books**, São Paulo, 1998.

CASTI, J. L. Mundos virtuais: como a simulação está mudando as fronteiras da ciência. **Revan**, Rio de Janeiro, 1998.

COELHO, L.S.; COELHO, A. A. R. Algoritmos Evolutivos em Identificação e Controle de Processos: Uma Visão Integrada E Perspectivas. **SBA Controle & Automação** Vol. 10 no. 01, São José dos Campos, 1999.

DEGEN, B.; GREGORIUS H.-R.; SCHOLZ, F. ECO-GENE, A model for simulation studies on the spatial and temporal dynamics of genetic structures of tree populations. **Silvae Genetica** v. 45, p. 323-329, 1996.

DEGEN, B e WATSON, L. User's Manual for ECO-GENE 4.1. 2004.

Disponível em:

<<http://software.bfh-inst2.de/Software/EcoGene/manual.zip>>

Acesso em:

03 fev 2007

GALLOWAY, G. e BORGIO, G. Guia para el establecimiento de plantaciones forestales en la sierra peruana. Proyecto FAO/Holanda/INFOR.146 pp. Lima,1984.

GONDRO, C. Modelagem e implantação de um modelo biológico computacional para estudos em genética de populações. Curitiba, 2001. 170 f. Dissertação (mestrado em Genética) – Departamento de Genética, Universidade Federal do Paraná.

GONDRO, C. ; MAGALHÃES, J. C. M.. A simple genetic algorithm for studies in mendelian populations. In: H. Abbass; T. Bossamaier; J. Wiles. (Org.). **Recent Advances in Artificial Life**. 1 ed. London: World Scientific Publishing, 2005, v., p. 85-98.

GONDRO, C. Evolutionary Computation for Optimization and Model Discovery in Biological Systems, Tese (Doutorado em Genetics and Animal Production) University of New England, UNE, Austrália. Ano de Obtenção: 2006.

HEITKOETTER, J.; e BEASLEY, D. The Hitchhiker's Guide to Evolutionary Computation: A List of Frequently Asked Questions. 1998.

Disponível em:

<<http://www.cs.cmu.edu/Groups/AI/html/faqs/ai/genetic/part1/faq-doc-0.html>>

Acesso em:

18 ago 2005

HOLLAND, J. H. Adaptation in Natural and Artificial Systems. Ann Harbor: **The University of Michigan Press**, 1975.

HRABER, P.T.; JONES, T.; FORREST, S.The Ecology of Echo. **Artificial Life** v. 3, p:165-190, Massachusetts Institute of Technology.1997.

JÚNIOR, J.R.; CORDENONSI, A.Z. Estudo De Modelos E Sistemas De Vida Artificial. Trabalho de conclusão de curso UNINFRA ( Centro Universitário Franciscano ), Santa Maria - RS, 2002.

Disponível em:

<[www.inf.unifra.br/tfg2002.sis\\_info/tfg.2002.33.pdf](http://www.inf.unifra.br/tfg2002.sis_info/tfg.2002.33.pdf)>

Acesso em:

24 jul 2005

KANASHIRO, M.; THOMPSON, I.S.; YARED, J.A.G.; LOVELESS, M.D.; COVENTRY, P.; MARTINS-DA-SILVA, R.C.V.; DEGEN, B. e AMARAL, W. Improving conservation values of managed forests: the Dendrogene Project in the Brazilian Amazon. **Unasylva** 209, v. 53, p: 25-33, Roma. 2002

LANGTON, C. G. Studying artificial life with cellular automata. **Physica D**, v. 22, p. 120-149, 1986.

LEVIN, S.A.; GRENFELL, B.; HASTINGS, A.; PERELSON, A.S. Mathematical and computational challenges in population biology and ecosystems science. **Science**.v. 275(5298), p. 334-343, 1997.

MÉNARD, A.; DUBÉ, P.; BOUCHARD, A.; CANHAM, C.D.; MARCEAU, D.J. Evaluating the potential of the SORTIE forest succession model for spatio-temporal analysis of small-scale disturbances. **Ecological Modelling**, v. 153, p. 81-96, 2002.

MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE - BRASIL. **Third National Report of the Convention of Biological Diversity**. Brasil, 2005

MORENO, A. Artificial Life as a bridge between Science and Philosophy. Artificial Life VII: Proceedings of the Seventh International Conference, edited by Mark A. Bedau, John S. McCaskill, Norman H. Packard, and Steen Rasmussen. **MIT Press**, p. 507-512, 2000.

OLIVEIRA, E.B.. SISEUCALIPTO – SISPINUS: Softwares para el manejo de plantaciones de Pinos y Eucaliptos. **XVII Jornadas Forestales de Entre Rios**, Concordia, 2002



OLIVER, A.; REGRAGUI, O.; MONMARCH, N. E VENTURINI, G. Genetic and interactive optimization of web sites. **In Proceedings International WWW Conference(11)**, Honolulu, 2002.

PACALA, S. W.; CANHAM, C.D. e SILANDER, J.A.J. Forest models defined by field measurements: I. The design of a northeastern forest simulator. **Canadian Journal of Forest Research** , v. 23, p. 1980-1988, 1993.

PICAROUGNE, F.; MONMARCHÉ, N.; OLIVER, A. e VENTURINI, G. Search of information on internet by evolutionary algorithm. **Sixth Annual Meeting on Health, Science and Technology**. Tours, 2002.

PIVETA, M. Estoque finito na Amazônia. **Pesquisa FAPESP**, ed. 111, São Paulo, 2005

Disponível em:

<[http://revistapesquisa.fapesp.br:2222/transform.php?xml=8/1/20050518/200505111/pt/SEC7\\_4.xml&xsl=xsl/pt/article.xsl&transf=normal&id=SEC7\\_4&lang=pt#](http://revistapesquisa.fapesp.br:2222/transform.php?xml=8/1/20050518/200505111/pt/SEC7_4.xml&xsl=xsl/pt/article.xsl&transf=normal&id=SEC7_4&lang=pt#)>

Acesso em:

23/08/2005

SCHNEIDER, S.; ROESSLI, D. e EXCOFFIER, L. Arlequin ver. 2.000: A software for population genetics data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland, 2000.

STALLMAN, R. The GNU Project. INTERNET 2001

Disponível em:

<<http://www.gnu.org/gnu/thegnuproject.html>>

Acesso em:

03/02/2007

TAKATUZI, S. Estudo Comparativo Entre Metodologias Para Estimar População Efetiva ( $N_e$ ) Usando Simulações, Curitiba, 2004. Dissertação (mestrado em Genética) – Departamento de Genética, Universidade Federal do Paraná.

VARENNE, F. What does a computer simulation prove? **Simulation in Industry**, Proc. of the 13th European Simulation Symposium, ed. by N. Giambiasi and C. Frydamn, SCS Europe Bvba, Ghent, p. 549-554. Marseille, France, 2001.

ZILLER, S. A Estepe Gramíneo-Lenhosa no Segundo Planalto do Paraná: Diagnóstico Ambiental com Enfoque à Contaminação Biológica. Curitiba, 2000. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal), **Universidade Federal do Paraná**. Disponível em:

<<http://www.institutohorus.org.br/download/artigos/Contbiocampostese.pdf>>

Acesso em:

19 ago 2005

**ANEXOS**

**CD DE INSTALAÇÃO DO KURI**

